

Aus dem Institut für Rechtsmedizin
der Ludwig-Maximilians-Universität München

Vorstand: Prof. Dr. med. Matthias Graw

PROZESSOPTIMIERUNG IN DER FORENSISCHEN GUTACHTENERSTELLUNG

ENTWICKLUNG UND INTEGRATION VON
SOFTWARELÖSUNGEN
IM RAHMEN DER ERSTELLUNG
FORENSISCHER SPURENGUTACHTEN

Dissertation
zum Erwerb des Doktorgrades der Humanbiologie
an der Medizinischen Fakultät der
Ludwig-Maximilians-Universität zu München

vorgelegt von
Jacqueline Tschoche, geb. Heyder
aus Blankenburg

2016

Mit Genehmigung der Medizinischen Fakultät
der Universität München

Berichterstatter: PD. Dr. sc. hum. Katja Anslinger

Mitberichterstatter: Prof. Dr. Norbert Nedopil

PD Dr. Wulf Sienel

Mitbetreuung durch den
promovierten Mitarbeiter:

Dr. rer. biol. hum. Dagmar von Máriássy

Dekan: Prof. Dr. med. dent. Reinhard Hickel

Tag der mündlichen Prüfung: 25.08.2016

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	VII
1 Einleitung und historische Entwicklung	1
1.1 DNA-Mischspuren und Minimalspuren	2
1.2 Anforderungen an den Umgang mit den Analysedaten	4
1.3 Zielsetzung der Arbeit	5
2 IST-Prozess	6
2.1 Laborprozesse	9
2.1.1 Auftragserfassung mittels WinLims	9
2.1.2 Asservatenbearbeitung und Isolierung der DNA	9
2.1.3 Quantifizierung humaner DNA mittels qPCR	10
2.1.4 Multiplex-PCR	10
2.1.5 Kapillarelektrophorese	11
2.2 Prozesse der Gutachtenerstellung	12
2.2.1 Analysesoftware	12
2.2.2 Auswertung mittels Microsoft® Office Excel	14
2.2.3 Auswertung mittels Microsoft® Office Word	21
2.3 Schlussphase der Gutachtenerstellung	21
3 SOLL-Prozess und konzeptionelle Entwicklung	22
3.1 Kontaminationskontrolle	24
3.1.1 Datenstruktur und Datenimport	25
3.1.2 Verarbeitung und Darstellung der Daten	29
3.1.3 Weitere Anforderungen an die Software	29
3.2 Konsensus- und Composite-Ansatz	31
3.2.1 Datenstruktur und Datenimport	32
3.2.2 Allelic Balance Level	34
3.2.3 Weitere Anforderungen an die Software	35
3.3 Abgleich und farbliche Markierung	38
3.3.1 Datenstruktur und Datenimport	39
3.3.2 Verarbeitung und Darstellung der Daten	40

4	Ergebnisse: Umsetzung der entwickelten Konzepte	42
4.1	Vergleichsdatenbank „VDB“	44
4.1.1	Mitarbeiter-Spur-Abgleich	45
4.1.2	Spur-Spur-Abgleich	45
4.1.3	Funktionalität der „VDB“	46
4.1.3.1	Starten eines Jobs (Excel)	46
4.1.3.2	Überprüfung der untersuchten Tatortspuren (GUI)	47
4.1.3.3	Markieren von kontaminierten Spuren (Excel)	51
4.1.3.4	Speicherung von Vergleichsmustern und Mitarbeitern (Excel)	52
4.1.3.5	Treffer Suche (GUI)	53
4.1.3.6	Datenbank Suche (GUI)	53
4.1.3.7	Administrationsbereich (GUI)	54
4.1.4	Validierung der „VDB“	55
4.2	KonsensusSequenz „KonS“	57
4.2.1	Datenvorbereitung für „KonS“	57
4.2.2	Funktionalität von „KonS“	59
4.2.3	Validierung von „KonS“	63
4.3	TableColor „TCol“	63
4.3.1	Funktionalität von „TCol“	64
4.3.2	Erweiterung von „TCol“	67
4.3.3	Validierung von „TCol“	67
5	Diskussion	68
5.1	Usability der „VDB“	69
5.1.1	Effektivität der „VDB“	69
5.1.2	Effizienz der „VDB“	71
5.1.3	Zufriedenstellung der „VDB“	72
5.1.4	Vergleich zur Software GenoProof® Mixture 2 (Qualitype AG)	73
5.1.5	Fazit „VDB“	74
5.2	Usability von „KonS“	76
5.2.1	Effektivität von „KonS“	76
5.2.2	Effizienz von „KonS“	78
5.2.3	Zufriedenstellung von „KonS“	78
5.2.4	Vergleich zur Software GenoProof® Mixture 2 (Qualitype AG)	79

5.2.5	Fazit „KonS“	79
5.3	Usability von „TCol“	83
5.3.1	Effektivität von „TCol“	83
5.3.2	Effizienz von „TCol“	84
5.3.3	Zufriedenstellung von „TCol“	84
5.3.4	Vergleich zur Software GenoProof® Mixture 2 (Qualitytype AG)	85
5.3.5	Fazit „TCol“	85
5.4	Ausblick	86
5.4.1	Tabellarisches Kurzgutachten	86
5.4.2	Elektronische Übernahme der Asservatenliste	88
5.5	Schlussfolgerung	88
6	Abkürzungsverzeichnis	90
7	Anhang	92
7.1	Quantifizierung humaner DNA mittels qPCR	92
7.2	Multiplex-PCR	93
7.3	Kapillarelektrophorese	94
7.4	Allgemeine technische Entwicklungen in der DNA-Abteilung	94
8	Literaturverzeichnis	97
9	Abbildungs- und Tabellenverzeichnis	103
	Danksagung	105
	Lebenslauf	106
	Eidesstattliche Versicherung	107

Zusammenfassung

Als gegen Ende der 1980er Jahre erstmalig die Ergebnisse einer forensischen DNA-Analyse im Rahmen eines deutschen Gerichtsverfahrens eingeführt wurden, war sicherlich nicht absehbar, welchen enormen Einfluss diese Analysen in der heutigen Strafverfolgung ausüben würden. Die Entwicklung der forensischen DNA-Analyse in den letzten 15 Jahren ist erstaunlich und schreitet weiter fort. In den Laboren der zuständigen Untersuchungsstellen finden sich inzwischen zahlreiche Geräte, die die einzelnen Schritte automatisieren und die Mitarbeiter bei ihrer Tätigkeit unterstützen, da die Zahl der Fälle, bei denen eine forensische DNA-Analyse in Auftrag gegeben wird, stetig ansteigt. Auf der Seite des Gutachters scheint die Entwicklung neuer Softwareprodukte, um die enormen Datenmengen verarbeiten zu können, jedoch langsamer voranzuschreiten. Softwaretools, die einzelne Bearbeitungsschritte, wie zum Beispiel die Analyse der Rohdaten oder die biostatistischen Beurteilungen durchführen können, wurden in den verschiedenen Untersuchungsstellen Schritt für Schritt in den eigens über Jahre entwickelten Workflow integriert. Jedoch sind Neugestaltungen bestimmter Bereiche im Rahmen der Gutachtenerstellung zwingend erforderlich. Dazu gehört die Beseitigung von Medienbrüchen, die Verringerung von Fehlern bei der manuellen Bearbeitung und die Verkürzung der Bearbeitungszeiten. Um eben diese Schritte im Prozess der Gutachtenerstellung in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München aufzudecken, wurde eine ausführliche IST-Prozessanalyse durchgeführt. Nachfolgend wurde ein SOLL-Prozess mit verschiedenen neuen Softwareprodukten erstellt. Für diese Tools wurden anschließend detaillierte Konzepte erarbeitet, auf dessen Grundlage drei neue Softwareprodukte entwickelt werden konnten. Dazu zählt zunächst eine Vergleichsdatenbank („VDB“), mit welcher Mitarbeiter-Spur- und ebenso Spur-Spur-Kontaminationen aufgedeckt werden können. Besonders nach den Vorfällen mit den kontaminierten Wattetupfern („Phantom von Heilbronn“) wurden Empfehlungen bzgl. der Datensicherheit ausgesprochen, denen mit der entwickelten „VDB“ in ausführlicher Form nachgekommen werden kann. Weiterhin wird bei der forensischen DNA-Analyse nach einer erfolgreichen Kontaminationskontrolle von jeder positiv getesteten Spur mindestens eine unabhängige Doppelbestimmung durchgeführt. Diese Ergebnisse müssen schlussendlich vom Gutachter manuell zusammengefasst werden. Dieser Arbeitsschritt wurde mithilfe der Software „KonS“, auch hinsichtlich verschiedener aktuell diskutierter Ansätze, automatisiert. Abschließend wurde das Softwareprodukt „TCol“ entwickelt, welches die Untersuchungsergebnisse innerhalb eines Falles miteinander vergleicht und die erhaltenen Ergebnisse farblich aufbereitet, um ein übersichtliches Bild der Spurenlage zu präsentieren. Die drei entwickelten Softwareprodukte wurden ausführlich validiert, hinsichtlich ihrer „Usability“ (DIN EN ISO 9241-11) bewertet und darüber hinaus mit einer Testversion der aktuell als Komplettlösung angeworbenen Software GenoProof® Mixture 2 der Firma Qualitytype AG verglichen. Die entwickelten Softwarelösungen stellen, besonders im Vergleich zu aktuell verfügbaren Produkten, effiziente und effektive Werkzeuge im Prozess der forensischen Gutachtenerstellung im Institut für Rechtsmedizin München dar. Die im Rahmen dieser Arbeit entwickelten Softwareprodukte wurden in den aktuellen Workflow integriert und werden täglich in der Routine angewandt, wodurch eine schnellere Ergebnisübermittlung an die Polizeidienststellen erfolgen kann. Fehler im Vergleich zur manuellen Bearbeitung konnten deutlich minimiert und der Arbeitsaufwand sowie die benötigte Arbeitszeit enorm reduziert werden.

1 Einleitung und historische Entwicklung

Bereits 1953 wurde der grundlegende Baustein für die heutige forensische Molekularbiologie gelegt. Vor somit über 60 Jahren gelang es James Watson und Francis Crick die Struktur der Desoxyribonukleinsäure (DNS) bzw. „deoxyribonucleic acid“ (DNA), eine rechtsgängige Doppelhelix, die den Träger genetischer Erbinformationen darstellt, aufzuklären [Watson und Crick, 1953]. Der codierende Teil der DNA, welcher nur ca. 2% der 3,3 Milliarden Basenpaare (bp) umfasst, trägt die Informationen für die Zelldifferenzierung sowie den Zellstoffwechsel und bestimmt damit letztendlich auch das äußere Erscheinungsbild, den Phänotyp, einer Person. Doch bevor die DNA im forensischen Bereich überhaupt zum Einsatz kam, wurde Anfang des 20. Jahrhunderts das AB0-Blutgruppensystem entdeckt [Landsteiner, 1900, 1901] und im Bereich der Abstammungsbegutachtung sowie zum Teil in forensischen Fällen angewandt. Demnach kann eine Person die Blutgruppe A, B, AB oder 0 aufweisen. Somit war es möglich, eine Person als Verursacher einer Spur zumindest auszuschließen, wenn sich die Blutgruppen der Person und der Spur unterschieden. Dieses System wurde zwar um verschiedene Komponenten erweitert (z.B. den Rhesusfaktor), jedoch entwickelten sich die Methoden aufgrund der Entdeckung der DNA durch Watson und Crick in die Richtung der VNTRs („Variable Number of Tandem Repeats“). 1985 zeigt Alec Jeffreys, dass diese sich wiederholenden Bereiche auf der DNA genutzt werden können, um Personen voneinander zu unterscheiden [Jeffreys et al., 1985a; Jeffreys et al., 1985b, c]. Bei der sich darauf aufbauende RFLP-Methode (Restriktionsfragmentlängenpolymorphismus) zerschneiden Restriktionsenzyme an definierten Stellen, die die VNTRs umgeben, die DNA und erzeugen somit unterschiedlich große Fragmente. Diese können anhand ihrer Größe in einem Agarose-Gel aufgetrennt und mithilfe eines Standards zugeordnet werden. Daraus resultierte das allgemein als DNA-Fingerabdruck bekannte Bandenmuster. Die Häufigkeit des Auftretens eines Musters liegt bei vier untersuchten VNTRs bereits bei eins zu ca. einer Million [Butler, 2009]. Jedoch war für diese Analyse eine sehr hohe DNA-Menge notwendig. Auch sind die untersuchten Bereiche auf der DNA sehr groß, was bei degradiertem DNA dazu führen kann, dass diese Fragmente nicht mehr untersucht werden können. Zeitgleich entwickelte Kary Mullis die PCR („Polymerase Chain Reaction“), womit definierte Bereiche der DNA vervielfältigt werden können [Mullis et al., 1986; Mullis, 1990a, b]. Allerdings wurden erst gegen Ende der 1980er die ersten sogenannten „Short Tandem Repeats“ (STR) beschrieben [Fowler et al., 1988]. Innerhalb der zum Teil hochvariablen Abschnitte des nichtcodierenden Bereichs des Genoms finden sich unter anderem Abfolgen dieser sehr kurzen repetitiven Sequenzen (~2-5bp), die sich je nach Individuum unterschiedlich häufig hintereinander wiederholen. Darüber hinaus kommen diese STRs auf allen Chromosomen unseres diploiden Chromosomensatzes vor [Edwards et al., 1991]. Diese Bereiche wurden mithilfe der PCR amplifiziert und zunächst ebenfalls über ein Gel aufgetrennt. Weisen bestimmte Fragmente annähernd eine gleiche Größe auf, können diese nach der Auftrennung im Gel jedoch nur schwer zugeordnet werden. Aus diesem Grund konnten nur drei bis vier STRs gleichzeitig untersucht werden [Butler, 2009]. Mitte der 1990er Jahre wurden die für die Amplifikation der STRs eingesetzten Primer erstmals mit Fluoreszenzfarbstoffen markiert [Mansfield und Kronick, 1993]. Dadurch war es möglich Fragmente voneinander zu unterscheiden, die eine

ähnliche Größe aufweisen. Die erhaltenen Befunde ergeben ein individuelles, in der Regel einzigartiges DNA-Identifizierungsmuster, wobei sich die Anzahl an untersuchten STRs, auch DNA-Systeme genannt, im Laufe der Entwicklung stetig erhöht hat. Eine Standardisierung der zu untersuchenden DNA-Systeme wurde mit der 1998 errichteten DNA-Analysedatei (DAD) eingeführt. In der Anfangsphase der DAD wurden in Deutschland fünf verschiedene STRs bzw. Marker untersucht und gespeichert (vWA, TH01, FIBRA, SE33 und D21S11). Seit Anfang 2001 wurden darüber hinaus die DNA-Systeme D3S1358, D8S1179 und D18S51 in die DAD aufgenommen [Schneider und Martin, 2001]. Zum damaligen Zeitpunkt stellten sieben dieser acht Systeme (ohne SE33) das sogenannte „European Standard Set“ (ESS) dar. Heute werden in Deutschland routinemäßig 16 verschiedene autosomale DNA-Systeme sowie das Amelogeninsystem (Amel) zur Geschlechtsbestimmung untersucht, wobei dies nur eine Auswahl aus verschiedenen validierten Markern darstellt. Die Häufigkeit des Auftretens eines Merkmalmusters bei diesen 16 DNA-Systemen liegt inzwischen bei eins zu weit über einer Billion. Die forensische DNA-Analyse sowie die darauf aufbauende deutsche DNA-Analysedatei mit einem aktuellen Bestand von 1.133.973 Datensätzen (Stand 31.12.2015, [Bundeskriminalamt, 2015a]) gelten somit als eines der erfolgreichsten Instrumente der Verbrechensbekämpfung in Deutschland. Aufgrund des DNA-Beweiswertes ist heute generell die DNA-Analyse sowohl aus der Kriminalitätsbekämpfung als auch aus dem strafprozessualen Geschehen in Deutschland nicht mehr wegzudenken. Mithilfe des DNA-Beweises konnten bisher zahlreiche Täter überführt, viele Jahre zurückliegende Taten noch aufgeklärt und auch zahlreiche zu Unrecht beschuldigte Personen entlastet werden [Bundeskriminalamt, 2015b; Spiegel, 2011, 2012].

1.1 DNA-Mischspuren und Minimalspuren

Einen besonders umfangreichen Teil der zu untersuchenden Tatortspuren in der forensischen Molekularbiologie stellen DNA-Mischspuren dar. Dabei handelt es sich um biologisches Material, welches von mehr als einer Person stammt. Die Zellen einer solchen Mischung können gleich sein, wie beispielsweise bei Blut-Blut-Mischungen an Tatorten mit mehreren Verletzten oder Epithelzellmischungen von Täter und Opfer unter den Fingernägeln einer dieser Personen. Es kann jedoch auch unterschiedliches Zellmaterial vorliegen, wie bei einer Mischung aus Spermien und Vaginalzellen, die im Bereich der Sexualdelikte häufig zu beobachten sind. Die forensische DNA-Untersuchung solcher Spuren führt in der Regel zu einem Mischprofil, d.h. die Merkmale - oder auch Allele genannt - aller an der Mischung beteiligter Personen werden dargestellt. Überwiegt in solch einer Mischung der Anteil biologischen Materials einer Person, so ist es unter Umständen möglich, diese deutlich stärkeren Merkmale der Person abzuleiten und somit eine Hauptkomponente, auch Hauptspurenverursacher genannt, aus der vorliegenden Mischung zu rekonstruieren [Torres et al., 2003]. Eine Möglichkeit zur Darstellung von DNA-Identifizierungsmustern einzelner, an einer Mischung aus weiblichen Schleimhautzellen und Spermien beteiligter Personen, ist die differentielle Lyse [Gill et al., 1985]. Bei diesem chemischen Verfahren werden zunächst nur die weiblichen Schleimhautzellen mittels eines Lyseschrittes aufgebrochen. Nach Zentrifugation kann die im Überstand befindliche DNA der Schleimhautzellen abgenommen und ein DNA-Merkmalmuster daraus erstellt werden. Die als Sediment vorliegenden, noch

immer intakten Spermien werden anschließend aufgebrochen und aus deren DNA ein Identifizierungsmuster erstellt. Jedoch können Mischungen, die aus weiblichen und männlichen Epithel- bzw. Schleimhautzellen bestehen, mit diesem Verfahren nicht getrennt werden.

Eine weitere Möglichkeit zur Isolierung von Spermien stellt die Lasermikrodissektion (LMD) dar, bei welcher einzelne Spermatozoen aus HE-(Hämatoxylin-Eosin-) gefärbten Objektträger-Präparaten mittels eines Laserimpuls vom Objektträger gelöst und in ein Auffanggefäß katapultiert werden [Becker et al., 1997]. Darüber hinaus wurde ein Verfahren entwickelt, bei dem die LMD-Technik durch eine vorherige Digoxigenin-Markierung der männlichen Zellen erweitert wird. Bei dieser Methode werden männliche Zellen in den verschiedensten forensisch relevanten Zellmischungen mit einem Digoxigenin-markierten Y-Sonden-Cocktail durch Hybridisierung markiert. Eine anschließende Detektion erfolgt mit einem Enzym gekoppelten Anti-Digoxigenin-Antikörper [Anslinger et al., 2005b]. Zwar konnte mit dieser Technik aus zwanzig diploiden männlichen Zellen ein vollständiges DNA-Identifizierungsmuster, bestehend aus den acht für die deutsche DNA-Analysedatei geforderten autosomalen STRs, erstellt werden, jedoch ist diese Methode sehr arbeits- und zeitintensiv. Ein weiterer Schritt war die Umstellung auf einen Sonden-Cocktail, welcher gleichzeitig beide Geschlechtschromosomen mit unterschiedlichen Fluoreszenzfarbstoffen markiert. Diese Methode konnte bisher jedoch nur für getrocknete Blutspuren optimiert werden [Anslinger et al., 2007].

Liegen nun Mischungen von gleichartigen männlichen und weiblichen Zellen vor, kann die Untersuchung von Y-chromosomalen DNA-Systemen erfolgreich sein [Roewer und Epplen, 1992]. Hierbei geht es um die gezielte Untersuchung von DNA-Abschnitten, die nur bei männlichen Personen, also auf dem Y-Chromosom, vorliegen. Eine Trennung von weiblichen und männlichen Zellen vor der DNA-Isolierung ist somit nicht mehr nötig. Da das Y-Chromosom jedoch in einem rein paternalen Erbgang vom Vater an alle Söhne weitergegeben wird, ist die Anwendung dieser Technik nur bei bestimmten Fallkonstellationen sinnvoll. So muss ausgeschlossen werden können, dass Verwandte derselben männlichen Linie eines Tatverdächtigen ebenfalls als Täter in Frage kommen können.

Alle diese Methoden sind dessen ungeachtet nur bei ganz speziellen Fallkonstellationen anwendbar. Aus dem überwiegenden Teil der Mischspuren resultieren nach wie vor Mischprofile. Somit stellt der Bereich der forensischen Mischspurenbearbeitung eine immer wichtigere Rolle in der forensischen DNA-Analytik dar. Ein Großteil aller Tatortspuren wird auch weiterhin als Mischspuren vorliegen und diese, beispielsweise von mehreren männlichen Spurenlegern verursachten Mischungen, müssen als solche betrachtet werden. Für alle Mischspuren, die nicht anhand des Geschlechts der Verursacher (X/X bzw. X/Y) oder der Zellart (Schleimhautzellen bzw. Spermien) getrennt werden können, müssen andere Lösungen zur effizienteren Betrachtung gefunden werden.

Darüber hinaus ist es heute möglich, aus nur wenigen humanen Zellen eine verwertbare Information zu erhalten, die Rückschlüsse auf die Identität des Spurenverursachers zulässt. Gerade im Bereich dieser sogenannten Minimalspuren kann es jedoch aufgrund der geringen DNA-Menge, dem Vorliegen von degradierter DNA, stochastischer Effekte, reagenzien-spezifischer Eigenschaften und/oder Unterschiede in der Sensitivität einzelner Bestimmungen

ein und derselben Probe zur unvollständigen Darstellung der Merkmale kommen [Balding und Buckleton, 2009]. Die Auswertung dieser erhobenen Befunde ist äußerst anspruchsvoll und zeitintensiv [Benschop et al., 2011; Kelly et al., 2012], besonders da die Interpretation von Minimalspuren mit nichtreproduzierbaren Merkmalen bzw. vollständig ausgefallenen Merkmalen („Allelic Drop Out“) nicht einheitlich gehandhabt wird.

1.2 Anforderungen an den Umgang mit den Analysedaten

Aufgrund der Entwicklung der PCR sind heute nur noch wenige Zellen für eine erfolgreiche DNA-Analyse notwendig. Durch diese Steigerung der Sensitivität können jedoch bereits kleinste Kontaminationen zur Verunreinigung einer Spur führen, weshalb besonders in diesem Bereich Kontrollinstrumente entwickelt werden müssen, um Kontaminationen aufzudecken. Da die untersuchten DNA-Systeme des Weiteren nur eine Größe von ca. 60 bis 600bp aufweisen, kann eine Untersuchung auch bei degradierter DNA zum Teil noch erfolgreich sein. Auch ist es aufgrund der sensitiven Methodik inzwischen möglich, nicht nur Ein-Personen-Spuren (z.B. eine Blutspur) zu untersuchen, sondern ebenfalls Misch- sowie Minimalspuren. Um zunächst die Effizienz der Spurenbearbeitung zu steigern, wurden in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München bereits auf Seiten des Labors verschiedene Arbeiten im Bereich der Prozessoptimierung durchgeführt. Dabei wurden z.B. die Sensitivitätsgrenzen verschiedener Kits ausgetestet, um frühzeitig negative Proben auszusortieren und somit die Datenmenge zu reduzieren [Anslinger et al., 2000; Anslinger et al., 2001; Kremser et al., 2009]. Viele Hersteller dieser Kits treiben die Verbesserung der Untersuchungsmethoden stetig voran. Dies führt schlussendlich dazu, dass immer mehr Systeme untersucht werden können (anfänglich fünf, nunmehr routinemäßig 16 DNA-Systeme [Brodersen et al., 2003]) und somit die Aussage- und Diskriminierungskraft einer Spur stetig ansteigt. Aufgrund des Erfolges der forensischen DNA-Analyse werden weiterhin nicht mehr nur Spuren aus Kapitaldelikten untersucht. Inzwischen wird bei allen Deliktssklassen eine DNA-Untersuchung angestrebt. Auch die Anzahl der zu untersuchenden Spuren pro Fall hat sich erhöht. Alles in allem führt die Entwicklung der letzten Jahre zu einem immensen Anstieg an Analysedaten, die von den jeweiligen Untersuchungsstellen bearbeitet werden müssen und für deren Bearbeitung es zumindest teilweise noch keine national bzw. international anerkannten Standards gibt. Da der Informationsgehalt und somit das Datenvolumen einer Spur kontinuierlich angestiegen sind und vermutlich auch weiter steigen werden, sind besonders auf Seiten des Gutachters, der die erhaltenen Analyseergebnisse schlussendlich bewerten muss, Unterstützungstools zur Datenverarbeitung zwingend erforderlich geworden. Besonders bei der Erstellung komplexer DNA-Gutachten müssen der immense Arbeits- und Zeitaufwand sowie die hohe Fehleranfälligkeit bei der manuellen Bearbeitung reduziert werden.

Für die Auswertung der Analysedaten stehen zwar einzelne lizenzierte Softwareprodukte zur Verfügung, die den Umgang mit diesen enormen Datenmengen ermöglichen sollen, jedoch übernehmen diese Softwaretools meist grundlegende Aufgaben. So ist beispielsweise das Produkt GenoProof® Mixture 2 des Softwareherstellers Qualitype AG auf dem Markt erhältlich. Mit dieser Software können die erhaltenen Rohdaten ausgewertet und weiter verarbeitet werden. Die integrierten Anwendungen beziehen sich jedoch ausschließlich auf standardisierte Routineauswertungen und beinhalten nur einige der Wünsche, die die

Auftraggeber forensischer DNA-Untersuchungen an ein akkreditiertes Labor stellen. So muss stets die Effektivität, die Effizienz, die Handhabung der Daten, die Sicherheit und eine möglichst geringe Fehleranfälligkeit bei der Datenauswertung gewährleistet werden. Darüber hinaus müssen die erhaltenen Ergebnisse übersichtlich und verständlich aufbereitet werden.

Auch steht bei allen Untersuchungen im forensischen Bereich die Datensicherheit an oberster Stelle. Probenvertauschungen, fehlerhafte Zuordnungen oder Fehlinterpretationen der Ergebnisse wären fatal und müssen nach bestem Wissen und Gewissen ausgeschlossen werden. Eine zuverlässige manuelle aber zugleich auch zeitnahe Bearbeitung der Datensätze ist jedoch aufgrund des großen Datenvolumens kaum mehr möglich. Um die positive Entwicklung der forensischen Molekularbiologie sowohl für die Strafverfolgung als auch für die Justiz aufrecht erhalten und ggf. noch weiterentwickeln zu können, ist die Forensik heute mehr denn je auf fundierte Softwarelösungen angewiesen. Mit diesen soll die Verwaltung und schnelle sowie fehlerfreie Bearbeitung der Daten weitmöglichst automatisiert werden. Eine verkürzte Bearbeitungszeit würde darüber hinaus auch zur Kostenreduktion innerhalb aller Organe der Kriminalitätsbekämpfung beitragen.

1.3 Zielsetzung der Arbeit



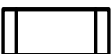




Aufgrund der enormen Entwicklung der forensischen Molekularbiologie in den letzten Jahren und der damit einhergehenden Steigerung der Untersuchungsaufträge seitens der Polizei und Staatsanwaltschaft ist eine Neugestaltung des eigens über Jahre entwickelten Prozesses der Gutachtenerstellung in der DNA-Abteilung des Instituts für Rechtsmedizin München notwendig geworden. Besonders bei komplexen Spurengutachten ist der Arbeitsaufwand der Gutachtenerstellung inklusive der verständlichen Aufbereitung der Daten enorm hoch. Darüber hinaus können Fehler aufgrund der manuellen Bearbeitung dieser hohen Datenmenge nicht ausgeschlossen werden. Eine kontinuierliche Verbesserung der Arbeitsprozesse, also eine Prozessoptimierung genau definierter Prozessschritte, im Bereich der forensischen Gutachtenerstellung in der DNA-Abteilung des Instituts für Rechtsmedizin München ist somit zwingend notwendig und stellt das Ziel dieser Arbeit dar. Dafür soll zunächst eine Analyse des aktuellen IST-Prozesses der Gutachtenerstellung durchgeführt werden. Anhand dieser IST-Prozessanalyse sollen Medienbrüche sowie besonders fehleranfällige und sehr zeitaufwändige Arbeitsschritte aufgedeckt werden. Darauf aufbauend sollen Konzepte für neue Softwareprodukte entwickelt werden, die die Anforderungen der Untersuchungsstelle abbilden, eine schnellere und fehlerfreie Bearbeitung der Analysedaten ermöglichen und die Datensicherheit gewährleisten. Diese Konzepte beinhalten die Modellierung der Datenstruktur sowie eine detaillierte Anforderungsbeschreibung der Softwaretools. Des Weiteren soll im Rahmen dieser Arbeit das Design der Softwareprodukte, einschließlich einer anwenderfreundlichen Benutzeroberfläche entwickelt werden. Im nächsten Schritt ist die externe Programmierung der Softwareprodukte (z.B. durch studentische Hilfskräfte) auf der Grundlage der im Rahmen dieser Arbeit entwickelten Konzepte geplant. Anschließend soll innerhalb dieser Arbeit eine ausführliche Validierung der programmierten Tools sowie eine Effizienz- und Effektivitätsbewertung unter Einbeziehung der DIN EN ISO 9241-11 durchgeführt werden. Abschließend sollen die Softwareprodukte in den in der DNA-Abteilung des Instituts für Rechtsmedizin München vorliegenden Workflow integriert werden.

2 IST-Prozess

Zur Erkennung möglicher Verbesserungen der aktuellen Prozesse in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München wurde eine ausführliche Prozessanalyse durchgeführt. Schwachstellen, wie zum Beispiel sehr fehleranfällige aber auch arbeits- und zeitaufwendige Zwischenschritte, die jedoch immer wiederkehren und sich somit gut automatisieren lassen, sollten in der Analyse des IST-Prozesses aufgedeckt werden. Auf der Grundlage dieser Analyse sollte anschließend ein Konzept zur Optimierung, also zur kontinuierlichen Verbesserung der Arbeitsprozesse, entwickelt werden. Ein wichtiger Betrachtungspunkt stellten dabei Medienbrüche dar. Hierbei handelt es sich um einen Wechsel des Mediums innerhalb eines Prozesses (z.B. die Erstellung der Ergebnistabelle am Computer auf der Grundlage der ausgedruckten Elektropherogramme), wodurch dieser langsamer, teilweise aufwendiger und ggf. auch fehleranfälliger sein kann [Wirtschaftslexikon, 2015]. Besonders diese Arbeitsschritte sollten im Hinblick auf mögliche Veränderungen kritisch überprüft werden.

Um den gesamten IST-Prozess der forensischen Gutachtenerstellung zu veranschaulichen, werden, wie auch im weiteren Verlauf dieser Arbeit, ereignisgesteuerte Prozessketten (EPK) genutzt. Die Notationen der EPK sind der Tabelle 1 zu entnehmen. Diese graphische Modellierungssprache dient der Visualisierung von Geschäftsprozessen und kann im Hinblick auf künftige Anpassungen und Umgestaltungen hilfreich sein [Becker et al., 2004; Gadatsch, 2010]. Grundsätzlich folgt auf ein Ereignis immer eine Funktion und umgekehrt. Diese Abfolge wird auch eingehalten, wenn zwischen diesen beiden Elementen Konnektoren (UND, ODER, XOR) geschaltet werden. Zur besseren Veranschaulichung und einfacheren Übersicht, wurde zum Teil bewusst auf diese Anordnung verzichtet. Dies bezieht sich im Besonderen auf den Laborbereich sowie die Schlussphase der Gutachtenerstellung.

Tabelle 1: Notationen und Konnektoren der EPK [Gadatsch, 2010]

Symbol	Benennung	Bedeutung	Beispiel
	Funktion	Transformation von einem Input- zu einem Outputzustand	FallTab erzeugen
	Ereignis	Zustandsbeschreibung, von dem der weitere Prozessverlauf abhängt	FallTab erzeugt
	Anwendungssystem	Anwendungssystem zur Prozessunterstützung	beispielsweise Microsoft® Office Excel
	Kontrollfluss	Zeitlich-logischer Zusammenhang von Ereignissen und Funktionen; kann um Bedingungen erweitert werden	
	UND	„Konjunktion“, „sowohl als auch“	„A und B“
	ODER	„Adjunktion“, „inklusive oder“, „mindestens ein“	Entweder „A oder B“ oder „A und B“
	XOR	„Disjunktion“, „exklusives oder“, „entweder oder“	„A oder B“, nicht jedoch „A und B“

Der gesamte Prozess, vor Beginn der Optimierung (IST-Prozess), kann der Abb. 1 entnommen werden. Zur Verdeutlichung der unterschiedlichen Verantwortlichkeiten innerhalb des Prozesses wurde die Darstellung in Form eines Swimlane-Diagramms gewählt. Der Laborteil, der im Kapitel 2.1 kurz beschrieben wird, ist in der ersten Spalte dargestellt. Eine ausführliche Beschreibung der im Labor angewandten Methoden befindet sich im Anhang (Kapitel 7). Die Aufgaben des Gutachters, der hauptsächlich für den Fall verantwortlich ist, sind in der zweiten Spalte abgebildet und werden im Kapitel 2.2 beschrieben. Der Tätigkeitsbereich des Zweitgutachters, welcher die Ergebnistabelle sowie das abschließende Gutachten korrigiert, sind in der dritten Spalte aufgeführt und werden unter anderem im Kapitel 2.3 erläutert. Weiterhin sind die Aufgaben des Schreibbüros in der vierten, die der Institutsleitung in der letzten Spalte dargestellt.

Im Verlauf der Anfertigung dieser Arbeit kam es zu allgemeinen technischen Entwicklungen im Bereich der forensischen DNA-Analyse, die nahezu alle Bereiche des Prozesses betreffen (Quantifizierung, Analyse Y-chromosomaler Marker, angewandte Kapillarelektrophoresegeräte, Analysesoftware und Gutachtenerstellung). Auf diese Entwicklungen wird ausführlich im Anhang (Kapitel 7.4) unabhängig von der Analyse des IST-Prozesses eingegangen.

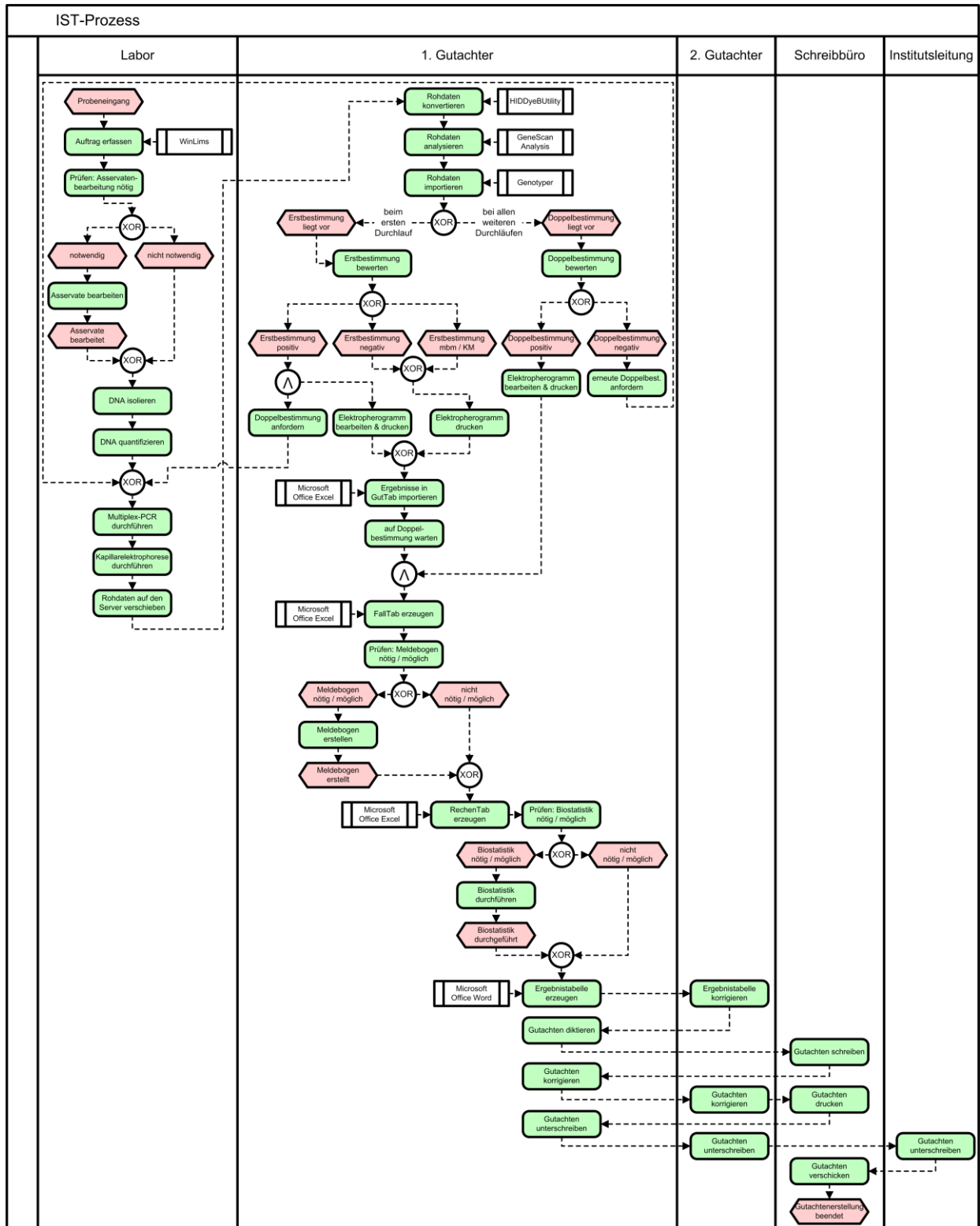


Abb. 1: IST-Prozess der forensischen Gutachtenerstellung
in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München

2.1 Laborprozesse

Zur näheren Beschreibung der Abläufe im Labor, ist dieser Prozessabschnitt unabhängig vom weiteren Verlauf in Abb. 2 dargestellt.

2.1.1 Auftragserfassung mittels WinLims

Nach dem Probeneingang im Institut für Rechtsmedizin München erfolgt an der Pforte die Eingangserfassung mithilfe eines Labor-Informations- und Management-Systems (hier WinLims). Bereits an dieser Stelle erfolgt die Zuordnung des Untersuchungsmaterials zur DNA-Abteilung. Darüber hinaus werden das Eingangsdatum sowie der Überbringer der Proben erfasst. Im Labor wird anschließend über das WinLims das Auftragsdatum, der Auftraggeber, das polizeiliche Aktenzeichen, das zu bearbeitende Untersuchungsmaterial sowie der zuständige Gutachter von Hand eingegeben bzw. ausgewählt. Einzig die von der Polizei übersandten Vergleichsspeichelproben weisen einen 2D-Barcode auf, welcher bei der Auftragserfassung eingescannt werden kann. Eine individuelle Auftragsnummer (DNA-Nummer) wird für den neuen Fall erstellt, ebenso erfolgt eine Verknüpfung aller Spuren bzw. Vergleichsproben mit dieser Auftragsnummer, sodass eine eindeutige Zuordnung möglich ist.

2.1.2 Asservatenbearbeitung und Isolierung der DNA

Sofern mögliche Asservate nicht direkt vom Spurensicherer der Polizeidienststelle bearbeitet wurden, erfolgt dies im Anschluss an die Auftragserfassung im Labor. Dafür wird das ggf. an den Asservaten befindliche biologische Material in Form von Abrieben, Klebestempel oder Abtastungen gesichert. Bei den vorliegenden Asservaten kann es sich um Täter- sowie Opferbekleidung, Tatwerkzeuge oder Ähnliches handeln. Zur Spurenartbestimmung können an den Asservaten bzw. gesicherten Spuren ggf. Vortests auf Blut, Speichel oder Sperma durchgeführt werden. Zur Isolierung der eventuell vorhandenen DNA aus der jeweiligen Probe wird anschließend ein chemischer Aufschluss der Zellen mithilfe von Proteinase K durchgeführt [Ebeling et al., 1974]. Danach erfolgt in der Routine eine halbautomatische DNA-Extraktion mithilfe des Extraktionsroboters EZ1 der Firma Qiagen [Anslinger et al., 2005a] bzw. des Extraktionsroboters Maxwell 16 der Firma Promega [Davis et al., 2012]. Bei beiden Geräten bindet die DNA zunächst an sogenannte Magnetic Beads. Mittels eines Elektromagneten wird die DNA anschließend isoliert, gewaschen und in einem definierten Volumen von den Magnetic Beads eluiert.

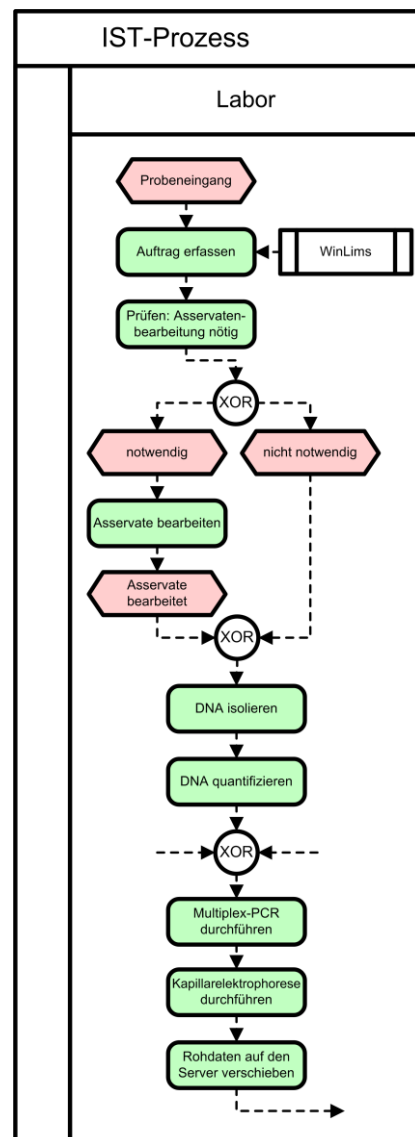


Abb. 2: Darstellung des Laborprozesses

2.1.3 Quantifizierung humaner DNA mittels qPCR

Im Anschluss an die DNA-Isolierung wird eine DNA-Quantifizierung mittels qPCR (quantitative Polymerase Chain Reaction) durchgeführt. Bei dieser Methode wird ausschließlich die Menge humaner DNA für jede einzelne Probe bestimmt. Dabei kommen Quantifikation Kits der Firma Thermo Fisher Scientific zur Anwendung [Grgicak et al., 2010]. Die qPCR oder real-time PCR genannt, beruht auf zwei grundlegenden Methoden: zum einen der Amplifikation definierter DNA-Templates mittels Polymerase-Kettenreaktion und zum anderen der Quantifizierung der entstandenen DNA-Stränge. Bei der qPCR kann zwischen jedem PCR-Zyklus die Menge der amplifizierten DNA in Echtzeit (real-time) gemessen werden - dies erfolgt über fluoreszierende Reporterfarbstoffe (Fluorophore). Eine ausführliche Methodenbeschreibung kann dem Kapitel 7.1 entnommen werden.

Proben, bei denen im Rahmen der Quantifizierung keine humane DNA nachgewiesen werden konnte, werden nicht weiter untersucht und im abschließenden Gutachten als negativ angegeben. Darüber hinaus kann mit den verwendeten Kits der Firma Thermo Fisher Scientific nicht nur die Menge humaner DNA, sondern ebenfalls auch die Menge Y-chromosomaler DNA gemessen werden. Je nach Fragestellung haben die Ergebnisse der Y-chromosomalen Quantifizierung Auswirkungen auf die nachfolgenden Untersuchungen. So erfolgt z.B. bei nach Sexualdelikten gesicherten Vaginalabstrichen mit einer im Vergleich zur Menge an weiblicher DNA nur sehr geringen Menge männlicher DNA ausschließlich die Untersuchung Y-chromosomaler Marker. Da bei einer autosomalen Analyse in diesem Fall höchstwahrscheinlich nur die DNA-Merkmale der Geschädigten detektiert werden könnten, wird auf die Analyse der autosomalen Marker verzichtet. Weiterhin werden Proben, in denen keine männliche DNA nachgewiesen werden konnte, weder autosomal noch Y-chromosomal untersucht.

2.1.4 Multiplex-PCR

Im Anschluss an die qPCR erfolgt die Amplifikation der „Short Tandem Repeats“ (STR). Dabei handelt es sich um unterschiedlich häufig hintereinander geschaltete kurze (~2-5bp) repetitive Einheiten. Sie bestehen im Rahmen der forensischen DNA-Analyse in der Regel aus vier aufeinanderfolgenden Basen, liegen im nichtcodierenden Bereich und sind auf allen Chromosomen zu finden. Diese hochgradig polymorphen Marker treten aufgrund der Chromosomenduplizität doppelt auf, d.h. auf einem Chromosomenpaar können je nach Individuum unterschiedliche (heterozygote) oder gleiche (homozygote) Fragmentlängen auftreten. Die Befunde ergeben ein individuelles, im Allgemeinen einzigartiges DNA-Identifizierungsmuster [Butler, 2007; Edwards et al., 1991; Gill et al., 1994]. Ausnahme bilden eineiige Zwillinge, da sie i.d.R. ein identisches STR- bzw. DNA-Merkmalmuster aufweisen.

Abhängig von der Fragestellung (z.B. Nachweis des männlichen Anteils innerhalb einer Spur im Rahmen eines Sexualdeliktes) ist es darüber hinaus möglich eine Y-chromosomale Analyse durchzuführen. Dafür werden STRs auf dem Y-Chromosom untersucht [Butler, 2003; Gusmao et al., 1999; Jobling und Tyler-Smith, 2003; Roewer und Epplen, 1992], welche gekoppelt als Haplotyp ausschließlich in männlicher Linie vererbt werden (paternaler Erbgang). Y-Chromosomen kommen nur bei Männern vor, daher eignen sich diese Systeme besonders gut, um geringste Mengen biologischen Materials einer männlichen Person in

einem großen Überschuss von biologischem Material weiblicher Personen nachzuweisen. Bei der Untersuchung autosomaler Merkmalsysteme können Mischungen nur bis zu einem Verhältnis von 1 zu 20 sicher erkannt werden, mit Y-chromosomalen DNA-Systemen können auch Mischungen mit einem geringeren Anteil der Minderkomponente (sofern diese von einem Mann stammt) dargestellt werden [Anslinger et al., 2000]. Allerdings sind bei in direkter männlicher Linie verwandten Personen (wie z.B. Vater und Sohn oder Brüder) die Y-chromosomalen Merkmale i.d.R. gleich [Butler, 2001].

Für die Analyse der autosomalen sowie Y-chromosomalen STRs wird eine Multiplex-Reaktion eingesetzt, bei der in einem einzigen PCR-Ansatz mithilfe verschiedener Primerpaare mehrere unterschiedliche Merkmalsysteme koamplifiziert werden können [Kimpton et al., 1993; Tucker et al., 2012]. Eine Übersicht der in der Routine angewandten Kits ist im Anhang (Kapitel 7.2) zu finden.

2.1.5 Kapillarelektrophorese

Nach erfolgter Amplifikation müssen die PCR-Fragmente mittels Kapillarelektrophorese gemäß ihrer Länge auf einem Sequenzer bzw. Genetic Analyzer über ein Polymer aufgetrennt und die Fragmentlängen in Basenpaaren bestimmt werden. Bei der durchgeführten Elektrophorese erfolgt die Wanderung elektrisch geladener Teilchen innerhalb der Kapillare durch eine gelartige Matrix in einem elektrischen Feld. Die Wanderungsgeschwindigkeit hängt dabei von der Ladung der Teilchen, deren Form, der Umgebung (Matrix) und der Stärke des elektrischen Feldes ab. Eine ausführliche Beschreibung kann dem Kapitel 7.3 entnommen werden. Nach Abschluss der kapillarelektrophoretischen Analyse werden die Rohdaten im Labor auf den Server übertragen, sodass diese Daten vom Gutachter abgerufen und weiter verarbeitet werden können.

2.2 Prozesse der Gutachtenerstellung

Nachfolgend sind wie in Abb. 3 und anschließend in Abb. 4 die Tätigkeiten des Gutachters, welcher hauptsächlich für den Fall verantwortlich ist, vergrößert dargestellt. Im Kapitel 2.2.1 werden die Konvertierung und die Analyse der Rohdaten sowie die Bewertung der Spuren anhand der erhaltenen Elektropherogramme beschrieben. Unter dem Kapitel 2.2.2 wird der Weg der Ergebniserstellung, beginnend mit der Gutachtertabelle (GutTab) über die Falltabelle (FallTab) bis hin zur Rechentabelle (RechenTab) erläutert. Abschließend sind im Kapitel 2.2.3 die letzten Schritte der Ergebnisdarstellung innerhalb der erzeugten Word-Datei dargestellt.

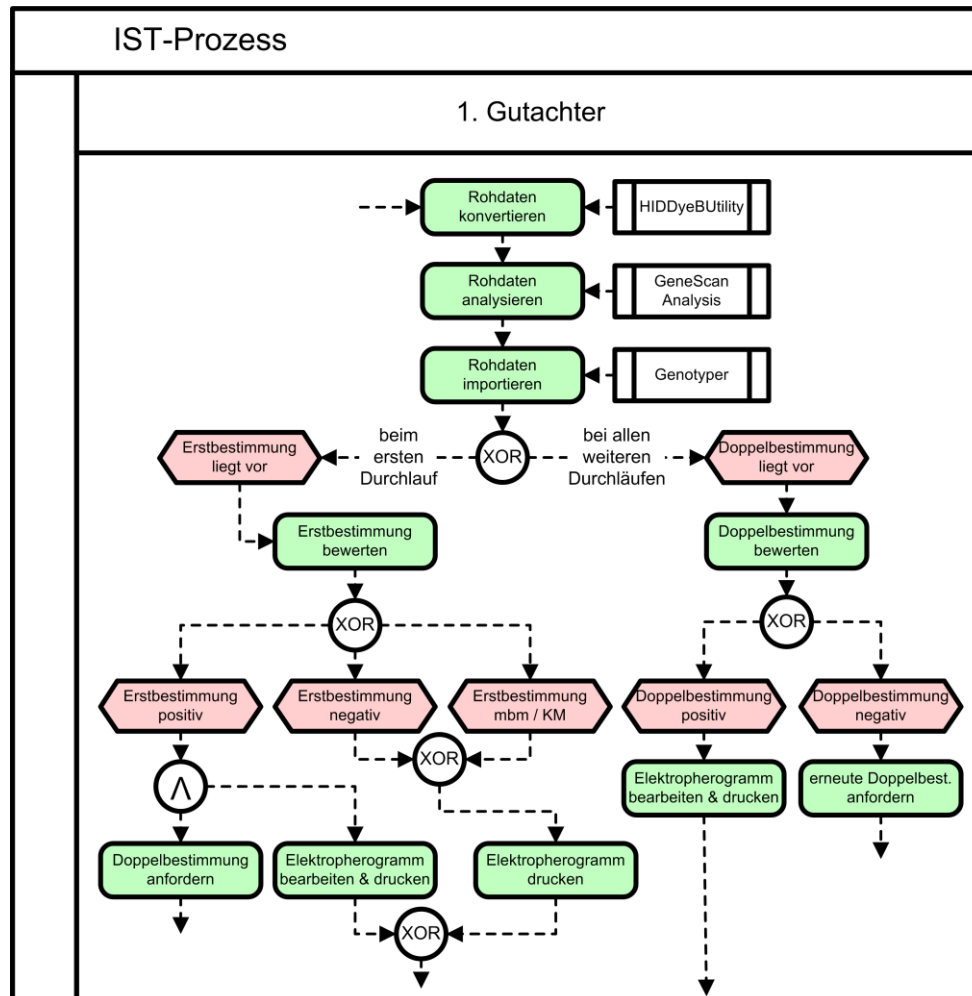


Abb. 3: Darstellung der Abläufe, die vom Erstgutachter durchgeführt werden - Teil 1

2.2.1 Analysesoftware

Die Daten der einzelnen Proben werden mittels der Data Collection Software v2.0 auf dem ABI PRISM® 3100-Avant Genetic Analyzer bzw. mittels der Data Collection Software v3.0 auf dem 3130xL Genetic Analyzer generiert. Diese Daten sind zunächst nicht mit den Softwareprodukten GeneScan® und Genotyper® kompatibel, da diese Analyseprogramme ausschließlich auf der Verwendung von Daten aus der Data Collection Software v1.1 beruhen. Bei den neueren Versionen der Data Collection Software fehlt im Zusammenhang mit der älteren Gerätegeneration die Möglichkeit dem Längenstandard, welcher für die Längenbestimmung der DNA-Fragmente während der Kapillarelektrophorese notwendig ist, die

zugehörige Fluoreszenzfarbe zuzuweisen. Diese Farbzuzuweisung sowie die Information, bei welcher Probe es sich um die Leiter (Probe mit allen gängigen Allelen für jedes DNA-System) handelt, sind für die GeneScan® und anschließende Genotyper® Software jedoch zwingend erforderlich. Eine manuelle Nachbearbeitung der Daten wäre möglich, ist jedoch sehr zeitaufwendig. Mithilfe der Software „HIDDeUtility“ der Firma Applied Biosystems erfolgt eine automatische Nachbearbeitung der Daten (Festsetzung der Farbe für den Längenstandard sowie Bezeichnung der Leiter mit dem Begriff „Ladder“). Im Anschluss daran werden die Daten mittels der GeneScan® Software analysiert. Das heißt, die DNA-Fragmente werden hinsichtlich ihrer Länge separiert und eine Abschätzung der Fragmentgrößen wird durchgeführt. Erst nach Abschluss dieser Analyse können die Proben mithilfe der Genotyper® Software in einem Elektropherogramm angezeigt und weiter bearbeitet werden. Dafür werden die analysierten Rohdaten in die Genotyper® Software geladen und gefiltert. In diesem Zusammenhang wird innerhalb eines DNA-Systems zunächst der höchste Peak betrachtet. Bei allen weiteren Peaks innerhalb dieses Systems, die beispielsweise eine Höhe < 20% ausgehend vom höchsten Peak aufweisen, wird auf die entsprechende Allelbeschriftung verzichtet. Diese Einstellung erfolgt nach den internen Standards der Untersuchungsstelle. Mit dieser Festlegung wird verhindert, dass Stutter-Peaks benannt werden, denn während der Extensionsphase innerhalb der PCR kann es zu einem Abfallen der Taq-Polymerase vom Template-Strang kommen. Anschließend erfolgt ein erneutes Annealing (Re-Annealing) des Template-Stranges und des neu synthetisierten DNA-Stranges mit der darauf sitzenden Taq-Polymerase. Dabei kann ein Loop entstehen, welcher ein Tetranukleotid ausspart. Demnach fällt der neu synthetisierte DNA-Strang ausgehend vom Template-Strang um ein Tetranukleotid kürzer aus, wodurch sich im Elektropherogramm ein sogenannter Stutter-Peak (n-4) ergibt, der jedoch nur ein Artefakt darstellt und somit nicht benannt werden soll (Slippage strand mispairing model [Walsh et al., 1996]) [Foster und Laurin, 2012; Gibb et al., 2009]. Dieses Vorgehen hat sich besonders bei Vergleichsspeichelproben bzw. Ein-Personen-Spuren bewährt. Jedoch muss aufgrund dieser Einstellung das Elektropherogramm eines DNA-Profiles, welches von mehr als einer Person verursacht wurde, unter besonderen Aspekten betrachtet werden. Ein möglicher Stutter-Peak kann in diesem Fall durchaus ein reales Allel darstellen, welches Teil einer Nebenkomponekte der Merkmalmischung sein kann. Demzufolge muss jedes Elektropherogramm hinsichtlich dieser Konstellation überprüft und unter Umständen manuell nachbearbeitet werden.

Die betrachtete Probe kann positiv sein, d.h. die Probe ist auswertbar und eine unabhängige Doppelbestimmung aller DNA-Systeme wird durchgeführt. Oder aber das betrachtete Elektropherogramm zeigt keine oder nur wenige Peaks, d.h. die Probe ist negativ und auf eine Doppelbestimmung wird verzichtet. Unter Umständen kann ein Elektropherogramm auch als multiples Bandenmuster (mbm) oder komplexe DNA-Merkmalmischung (KM) bezeichnet werden. Dabei handelt es sich um ein Identifizierungsmuster, bei dem aufgrund der starken Degradation der DNA und/oder der großen Anzahl der Spurenverursacher, die Erstellung eines reproduzierbaren DNA-Profiles nicht möglich ist. Auch in diesem Fall wird auf eine unabhängige Doppelbestimmung der entsprechenden Probe verzichtet. Demnach werden nur positiv getestete Proben erneut im Labor untersucht.

Der weitere Verlauf der Gutachtenerstellung kann der Abb. 4 entnommen werden und wird nachfolgend weiter beschrieben.

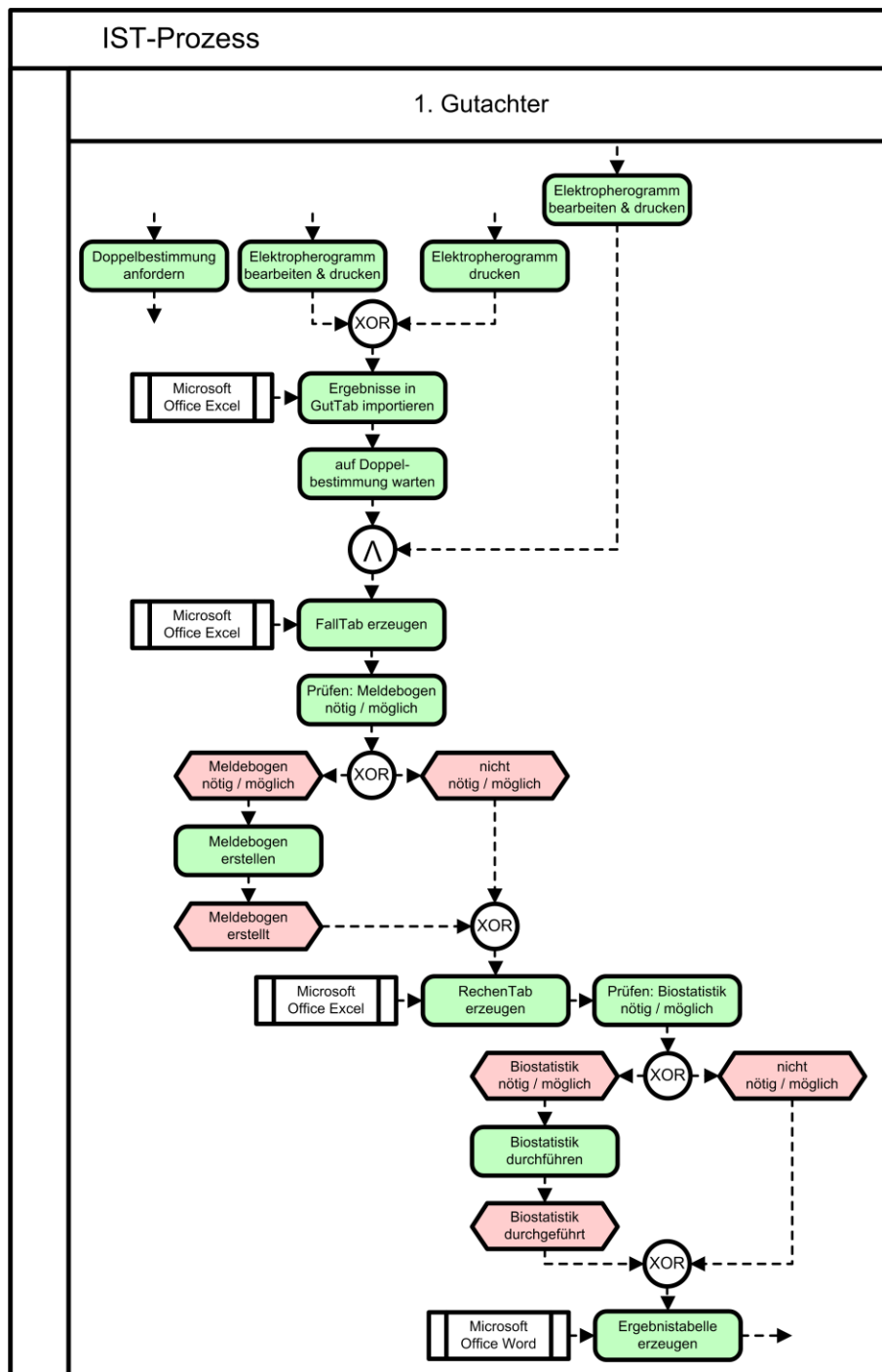


Abb. 4: Darstellung der Abläufe, die vom Erstgutachter durchgeführt werden - Teil 2

2.2.2 Auswertung mittels Microsoft® Office Excel

Die weitere Bearbeitung der Proben erfolgt in der GutTab, welche als Excel-Datei vorliegt (Abb. 5). Darin sind der Lauf, auf dem die untersuchte Spur zu finden ist, die Art (Spur oder „VgIP“ für Vergleichsspeichelprobe bzw. Vergleichsperson), die DNA-Nummer (vom WinLims generiert), die Materialbezeichnung (Tatort und Spurennummer) sowie die Ergebnisse aus der DNA-Analyse in den einzelnen DNA-Systemen dargestellt.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q
1	OK	04-1	Ver.: 04-1	Gutachtertabelle: GutTab V04-1	Gutachtertabelle: GutTab V04-1	HEY bis 26.11.12	Disse										
2	0	0		Zeilen	1												
3	GT EIN			markieren	Senden					1				2			
4		Art		DNA-N	Material					D3S1358				VWA			
5																	
1976	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7450a	Straße_A=2.1-1+10						14	15	17	18	14	16	17+18	
1977	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7450a	Straße_A=2.2-1+10						14	+17+	19		14	16	17	18+
1978	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7450a	Straße_A=2.3-1+10						14	15	17+	19	14	15	16	17+18
1979	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7450a	Straße_A=2.4-1+10						15+16	18	19		14	15	16	18+
1980	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7450a	Straße_A=2.5-1+10						13	15	18	19	14	15	16	18
1981	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7450a	Straße_A=2.6-1+10						16	18	19		14	15	16	17
1982	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7450a	Straße_A=3.1-1+10						15+16+	18			15+16	17	18	19
1983	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7450a	Straße_A=3.2-1+10						mbm				mbm			
1984	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7452a	Straße_B=1-1+10						15	16+17			14	17	18	
1985	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7452a	Straße_B=2-1+10						15	+17+			15	17	18	
1986	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7452a	Straße_B=5-1+10						14	15			15	17		
1987	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7454a	Straße_C=1-1+10						14	15	16	18	15	16	19	
1988	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7454a	Straße_C=2-1+10						14	15	16+17	18	15	17+	19	20
1989	355_1(low)/12SQ4BAY	Spur	12-7460a	Straße_D=2-1+2.5						15	17			17	19		

Abb. 5: Ausschnitt aus einer GutTab

Über ein Excel-Makro - vergleichbar mit einem Softwaretool, welches sich wiederholende Arbeitsschritte automatisch ausführt - werden die Informationen aus dem Genotyper® in die GutTab übernommen. Da aufgrund der Excelversion (Microsoft® Office Excel 2003) nur eine begrenzte Anzahl an Spalten verfügbar ist, können für jedes DNA-System nur vier Zellen bereitgestellt werden, in denen die DNA-Merkmale der einzelnen Proben dargestellt werden können. Liegen mehr als vier Merkmale pro DNA-System vor, müssen diese im Genotyper® manuell mit einem „+“-Zeichen verbunden werden, um sie in einer Zelle anzeigen zu lassen (z.B. 14, 15, 16+17, 18). Bei dem Import der Daten aus dem Genotyper® in die GutTab erfolgt ein Mitarbeiter-Spur-Abgleich. Dabei werden die DNA-Merkmale von maximal 35 gespeicherten Datensätzen mit den Merkmalen der untersuchten Spuren abgeglichen. Darin enthalten sind die DNA-Profile der Personen, die bisher und aktuell in der Abteilung tätig waren bzw. sind sowie die DNA-Profile der im Labor angewandten Positivkontrollen. Der Abgleich dieser Datensätze bezieht sich auf vier ausgewählte DNA-Systeme. Hat beispielsweise ein Mitarbeiter bei der Spurensicherung am Tatort oder im Labor eine Probe kontaminiert und finden sich in dieser die DNA-Merkmale dieser Person, so wird das entsprechende Mitarbeiter-Kürzel (3-Buchstaben-Code) in der dritten Spalte (Abb. 5, hellblau) der Excel-Tabelle angezeigt. Der Gutachter muss anschließend die übrigen DNA-Systeme überprüfen und die Kontamination bestätigen oder, falls keine Kontamination vorliegt, das Kürzel aus der Tabelle entfernen.

Im Anschluss an die Bewertung der Erstbestimmung erfolgt eine unabhängige Doppelbestimmung der Proben in allen untersuchten DNA-Systemen. Dafür wird erneut eine Multiplex-PCR durchgeführt. Die Fragmentanalyse erfolgt wiederum mittels Kapillarelektrophorese auf einem Sequenzer und die Ergebnisse werden unter einer neuen fortlaufenden Laufnummer gespeichert. Die erhaltenen Daten müssen anschließend konvertiert, analysiert und im Genotyper® ausgewertet werden. Bei einer erfolgreichen Doppelbestimmung wird das entsprechende Elektropherogramm ebenfalls ausgedruckt und dem Auftrag beigelegt. Sollte der Fall eintreten, dass die durchgeführte Doppelbestimmung ein negatives Ergebnis liefert, wird eine dritte Bestimmung durchgeführt.

Liegt von allen positiv getesteten Proben eine unabhängige zweite positive Bestimmung vor, kann der Auftrag im Labor abgeschlossen und an den Gutachter übergeben werden. Dafür wird in der persönlichen GutTab über die DNA-Nummer der auszuwertende Fall ausgewählt und eine fallspezifische FallTab (Excel-Format) erzeugt. Ab diesem Zeitpunkt besteht für den Gutachter die Möglichkeit, die Spuren zu bearbeiten. Dafür betrachtet der Gutachter die beiden ausgedruckten Elektropherogramme (Erst- und Zweitbestimmung) jeder einzelnen Probe, wobei es sich um eine Spur oder eine Vergleichsperson handeln kann. Die Bewertung der Elektropherogramme richtet sich nach der im Rahmen des Qualitätsmanagements im Institut für Rechtsmedizin München erstellten Arbeitsanweisung „Auswertung und Dokumentation kapillarelektrophoretischer Daten“. Pro Probe werden demnach alle reproduzierbaren Merkmale > 50rfu (relative fluorescence units) in die Ergebnistabelle übernommen. Danach erfolgt eine manuelle Wertung der einzelnen Signalintensitäten der detektierten Allele, sodass - sollte die Rekonstruktion eines Hauptspurenverursachers in der Merkmalmischung möglich sein [Schneider et al., 2006; Torres et al., 2003] - eine Unterscheidung zwischen Haupt- und Nebenkomponte vorgenommen wird (Abb. 6).

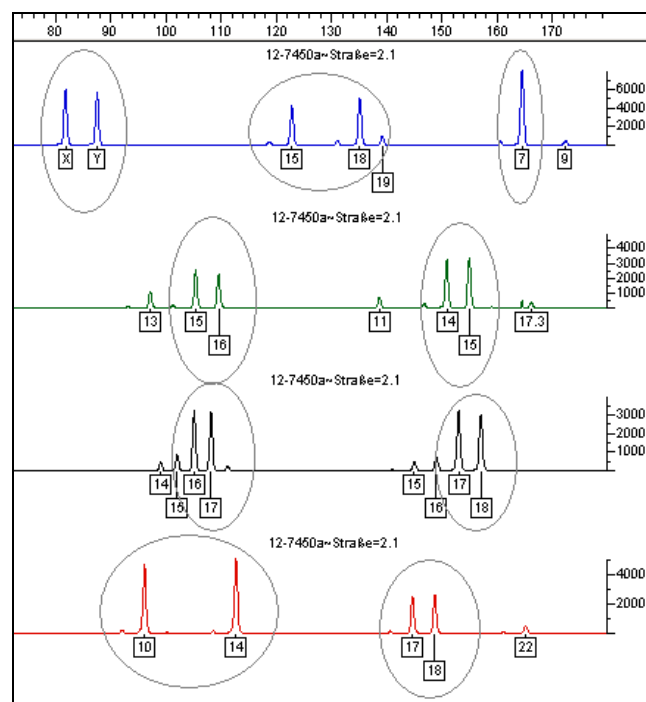


Abb. 6: Ausschnitt Elektropherogramm - Spur mit männlichem Hauptspurenverursacher (Merkmale grau umrandet), untersucht mit dem Kit PowerPlex® ESX System der Firma Promega

Darüber hinaus erfolgt die Kennzeichnung der Nebenkompente durch den Gutachter. Dafür werden wie im Beispiel der Tabelle 2 die Peakhöhen der detektierten Merkmale innerhalb eines DNA-Systems betrachtet. Das Merkmal 11 stellt in beiden Bestimmungen den höchsten Peak im betrachteten DNA-System dar und wird somit bei der Zusammenfassung der Ergebnisse ohne Klammerung dargestellt. Das Merkmal 12 (Tabelle 2) wies in der Erstbestimmung eine hohe Signalintensität, in der Zweitbestimmung eine wesentlich niedrigere Peakhöhe auf. Da der Peak für das Merkmal 12 in mindestens einer der Bestimmungen eine fast so hohe Signalintensität wie der Referenzpeak 11 aufwies, wird das Merkmal 12 ebenfalls ohne Klammer in der Ergebnistabelle aufgenommen. Das Merkmal 13 hingegen wies in beiden Bestimmungen eine wesentlich niedrigere Peakhöhe im Vergleich

zum Referenzpeak auf (Tabelle 2). Aus diesem Grund wird dieses Merkmal in der Ergebnistabelle in einer runden Klammer abgebildet und ist somit eindeutig der Nebenkompente zuzuordnen. Des Weiteren müssen die nichtreproduzierbaren Merkmale ebenfalls gekennzeichnet werden. In der DNA-Abteilung des Instituts für Rechtsmedizin München erfolgt diese Beschreibung in der Ergebnistabelle mit der Abkürzung „zb“ für Zusatzbanden. Diese Abkürzung betrifft das Merkmal 10, welches nur in einer der beiden Bestimmungen detektiert werden konnte und demnach in der Ergebnistabelle mit „zb“ angegeben wird. Die Art der Darstellung von Haupt- und Nebenkompenten sowie reproduzierbaren und nichtreproduzierbaren Merkmalen ist nicht einheitlich geregelt und variiert zwischen den jeweiligen Untersuchungsstellen. Die Anwendung von runden Klammern und der Abkürzung „zb“ für Zusatzbanden entspricht der im Institut für Rechtsmedizin München festgelegten Darstellungsform.

Tabelle 2: Bewertung der Signalintensitäten

	Merkmale innerhalb eines DNA-Systems				Zusammenfassung in der Ergebnistabelle (Konsensus-Ansatz)
	10	11	12	13	
Erstbest. - Peakhöhen (rfu)	200	1200	850	100	11 / 12 / (13) / zb
Zweitbest. - Peakhöhen (rfu)	---	1400	150	200	

Mithilfe der FallTab ist es anschließend möglich, die autosomalen DNA-Merkmale beispielsweise einer Vergleichsperson oder einer abgeleiteten partiellen oder vollständigen Hauptkomponente auf einen Meldebogen zu übertragen (Abb. 7). Diese Merkmale können anschließend vom Landeskriminalamt (LKA) mittels des generierten 2D-Barcodes eingelesen und in die deutsche DNA-Analysedatei (DAD) zur Speicherung eingestellt bzw. zur Recherche herangezogen werden. Y-chromosomale Merkmalmuster eignen sich nicht zur Aufnahme bzw. Recherche in der DNA-Analysedatei, können aber zum Direktvergleich mit eventuell tatverdächtigen Personen bzw. weiterem Spurenmaterial herangezogen werden. Die Ergebnisse der Y-chromosomaln Analyse werden somit nicht auf einen Meldebogen übertragen.



DNA-Identifizierungsmuster:										Straße=2.1 HK			
(DNA-Nr. Rechtsmedizin Muenchen: 12-7450a)													
		SE33		D21S11		VWA		THO1		FIBRA			
AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2
25.2	32.2	28	32.2	17	18	7	7	24	26				
D3S1358		D8S1179		D18S51		D1S1656		D2S441		D10S1248		D12S391	
AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2
15	18	13	13	13	16	14	15	10	14	15	16	17	18
D22S1045		D16S539		D2S1338		D19S433		AMEL					
AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2	AII. 1	AII. 2				
16	17	9	9	19	25	14	15	X	Y				

Abb. 7: Ausschnitt Meldebogen mit einem vollständigen DNA-Identifizierungsmuster sowie dem zugehörigen 2D-Barcode

In der seit 1998 bestehenden DAD werden DNA-Identifizierungsmuster von tatverdächtigen und verurteilten Personen sowie unbekannter Tatortspuren gespeichert. Aktuell befinden sich 1.133.973 Datensätze in der DAD, wovon 849.907 Personen- und 284.066 Spurendatensätze sind. Seit dem Bestehen der DAD konnten bereits 209.308 Treffer erzielt werden. Bereits in 43.546 Fällen kam es zu einem Spur-Spur- und in 165.762 Fällen zu einem Spur-Personen-Treffer (Stand 31.12.2015, [Bundeskriminalamt, 2015a]).

Nachdem der Meldebogen gedruckt wurde, werden alle Proben in eine neue Excel-Tabelle überführt. In dieser neu angelegten RechenTab besteht die Möglichkeit, die notwendigen biostatistischen Berechnungen durchzuführen.

Diese Berechnungen richten sich i.d.R. nach den im Jahr 2006 veröffentlichten und noch immer gültigen Empfehlungen der Spurenkommission. Eine Einteilung der Mischspuren erfolgt nach den Typen A, B und C [Schneider et al., 2006].

Typ A: Bei dieser Art von Mischspuren kann keine eindeutige Hauptkomponente abgeleitet werden. Allerdings liegen auch keine Ergebnisse im stochastischen Bereich vor. Demnach handelt es sich hierbei nicht um Proben geringer DNA-Qualität bzw. -Quantität, bei denen die Möglichkeit eines „Allelic Drop Out“ und/oder „Locus Drop Out“ besteht.

Unter diesen Umständen können sich die DNA-Merkmale einer Vergleichsperson bzw. die DNA-Merkmale einer Spur, die von einer Person verursacht wurde oder aus der eine Hauptkomponente abgeleitet werden konnte, in der Mischspur wiederfinden und die entsprechende Person ist als Mitverursacher dieser Merkmalmischung nicht auszuschließen. In diesem Fall kann die so genannte Einschluss-Chance $P(I)$ („Probability of inclusion“) bzw. Ausschluss-Chance $P(E)$ („Probability of exclusion“) berechnet werden. $P(I)$ gibt die Anzahl an Personen aus einer definierten Bevölkerungsgruppe an, die untersucht werden müssen, bis eine dieser Personen zufällig in die dargestellte Merkmalmischung passt. Die Einschluss-Chance $P(I)$ berechnet sich auf der Grundlage des Hardy-Weinberg-Gleichgewichts. Bei beispielsweise drei Merkmalen im betrachteten DNA-System stellt sich dies wie folgt dar:

$$P(I) = a^2 + b^2 + c^2 + 2ab + 2bc + 2ac .$$

Für die einzelnen Variablen werden die entsprechenden Allelfrequenzen eingesetzt, wobei die Ausschluss-Chance $P(E)$ somit der Differenz $P(E)=1-P(I)$ entspricht [Schneider et al., 2006]. Demnach werden alle möglichen Allelkombinationen innerhalb eines DNA-Systems mit ihren zugehörigen Allelfrequenzen addiert. Die in der Routine untersuchten 16 Systeme werden unabhängig voneinander vererbt [Butler, 2001], da sie entweder auf verschiedenen Chromosomen liegen oder aber auf einem Chromosom lokalisiert, jedoch räumlich sehr weit voneinander entfernt sind. Aufgrund der unabhängigen Vererbung können somit die für jedes DNA-System berechneten Wahrscheinlichkeiten miteinander multipliziert werden (Anwendung der Produktregel). Liegt die Einschlusschance $P(I)$ beispielsweise bei 1 zu 500 Millionen, bedeutet dies, dass 500 Millionen unverwandte Personen aus einer zuvor definierten Population untersucht werden müssten, bis eine Person zufällig mit all ihren DNA-Merkmalen vollständig in die dargestellte DNA-Merkmalmischung passt. Diese Art der biostatistischen Bewertung wird vorgenommen, wenn nicht genau definiert werden kann, wie viele Personen die vorliegende DNA-Merkmalmischung verursacht haben und keine klaren Hypothesen formuliert werden können. Auch ist diese Berechnung unabhängig von den DNA-Merkmalen der Vergleichsperson.

Eine weitere biostatistische Bewertung einer Mischspur des Typs A kann mithilfe des Likelihood-Quotienten (LQ) erfolgen, wofür das Prinzip der bedingten Wahrscheinlichkeit angewandt wird. Diese Bewertung der Spur kann vorgenommen werden, wenn die Anzahl der Spurenverursacher eindeutig zu erkennen ist und sich gegenseitig ausschließende Hypothesen formuliert werden können. Demnach spielen die DNA-Merkmale der tatverdächtigen Person in diesem Fall durchaus eine Rolle. Beispielsweise kann eine Spur vom Tatverdächtigen (TV) und einer mit dem TV unbekannten, unverwandten Person (Hypothese H_1) oder von zwei unbekannten mit dem Tatverdächtigen unverwandten Personen stammen (Hypothese H_2) (Tabelle 3).

Tabelle 3: Beispiel für LQ-Berechnung bei Typ-A-Mischspuren

DNA-System	DNA-Merkmale Spur	DNA-Merkmale TV
D8S1179	10/11/13/16	10/11

Der LQ wird anschließend mithilfe der bedingten Wahrscheinlichkeit unter der Annahme der

Hypothesen H_1 bzw. H_2 wie folgt berechnet: $LQ = \frac{L(\text{Spur}|H_1)}{L(\text{Spur}|H_2)}$.

$H_1 : TV + U$

Die unbekannte mit dem TV unverwandte Person U muss demnach den Genotyp 13/16 aufweisen: $P(\text{Spur}_{D8S1179}|H_1) = 2p_{13}p_{16}$.

$H_2 : U + U$

Für die Berechnung der Gegenhypothese muss die Summe aller möglichen Genotyp-Kombinationen, mit der sich eine 2-Personen-Mischung erklären lässt, gebildet werden.

$U + U =$ 10/11(U_1) und 13/16(U_2)
 10/13(U_1) und 11/16(U_2)
 10/16(U_1) und 11/13(U_2) sowie
 13/16(U_1) und 10/11(U_2)
 11/16(U_1) und 10/13(U_2)
 11/13(U_1) und 10/16(U_2)

$$P(\text{Spur}_{D8S1179}|H_2) = (2p_{10}p_{11}2p_{13}p_{16}) + (2p_{10}p_{13}2p_{11}p_{16}) + (2p_{10}p_{16}2p_{11}p_{13}) + (2p_{13}p_{16}2p_{10}p_{11}) + (2p_{11}p_{16}2p_{10}p_{13}) + (2p_{11}p_{13}2p_{10}p_{16})$$

$$P(\text{Spur}_{D8S1179}|H_2) = 24p_{10}p_{11}p_{13}p_{16}$$

$$LQ = \frac{2p_{13}p_{16}}{24p_{10}p_{11}p_{13}p_{16}}$$

Für die Allele werden anschließend die Allelfrequenzen der mitteleuropäischen Bevölkerung (Tabelle 4) eingesetzt [Welch et al., 2012].

Tabelle 4: Allelfrequenzen für das DNA-System D8S1179 [Welch et al., 2012]

D8S1179	Allelfrequenzen der mitteleuropäischen Bevölkerung
10	0,078
11	0,083
13	0,327
16	0,026

Daraus ergibt sich:

$$LQ = \frac{(2 \times 0,327 \times 0,026)}{(24 \times 0,078 \times 0,083 \times 0,327 \times 0,026)} = \frac{1}{12 \times 0,078 \times 0,083} = \frac{1}{0,077688} = 12,87.$$

Demnach lässt sich die Spur unter der Annahme der Hypothese 1 (bezogen auf das System D8S1179) 12,87 Mal besser erklären, als unter der Annahme der Hypothese 2. Die Berechnung des Likelihood-Quotienten für die Spur erfolgt wiederum unter Einbeziehung aller DNA-Systeme (Anwendung der Produktregel), was die Aussagekraft dieser Berechnung entsprechend erhöht.

Typ B: In diesem Fall lassen sich die Merkmale einer Hauptkomponente in der Merkmal-mischung ableiten. Das Verhältnis zwischen Haupt- und Nebenkomponekte sollte gemäß den Empfehlungen der Spurenkommission in der Regel bei 4:1 liegen [Schneider et al., 2006]. Weiterhin liegen keine Ergebnisse im stochastischen Bereich vor.

Für eine abgeleitete Hauptkomponente kann, ebenso wie für DNA-Identifizierungsmuster von Vergleichspersonen, die Häufigkeit eines einzelnen Locus nach dem Hardy-Weinberg-Gleichgewicht, wie folgt berechnet werden: Bei einem homozygoten Genotyp (z.B. 16/16) wird die Häufigkeit mit a^2 , bei einem heterozygoten Genotyp (beispielsweise 16/17) mit $2ab$ berechnet. Für die Variablen a bzw. a und b wird die Häufigkeit des auftretenden Allels innerhalb einer definierten Bevölkerungsgruppe (z.B. mitteleuropäische Bevölkerung) eingesetzt [Schneider et al., 2006; Welch et al., 2012]. Das daraus resultierende Ergebnis beschreibt die Häufigkeit des Auftretens dieses Genotyps für genau dieses betrachtete DNA-System. Auch in diesem Fall werden die einzelnen Wahrscheinlichkeiten der DNA-Systeme über alle untersuchten Systeme multipliziert (Anwendung der Produktregel). Daraus ergibt sich beispielsweise für ein DNA-Identifizierungsmuster mit 16 untersuchten autosomalen DNA-Systemen eine Häufigkeit von 1 zu über einer Billion. Demnach tritt dieses DNA-Profil bei weit über einer Billion unverwandter Personen aus der mitteleuropäischen Bevölkerung nur ein einziges Mal auf (einzige Ausnahme stellen eineiige Zwillingen dar, da sie i.d.R. ein identisches DNA-Identifizierungsmuster aufweisen). Ebenso wird bei Spuren verfahren, welche ausschließlich von einer Person stammen (z.B. Blutspur oder Zigarettenfilter, jeweils ohne Nebenkomponekten).

Typ C: Bei dieser DNA-Merkmal-mischung lässt sich kein eindeutiger Hauptspurenverursacher ableiten und die vorliegenden Ergebnisse liegen im stochastischen Bereich. Eine biostatistische Bewertung wird hier nicht empfohlen [Schneider et al., 2006].

2.2.3 Auswertung mittels Microsoft® Office Word

Nach Abschluss der Berechnungen werden die Ergebnisse in eine Tabelle (Word-Datei) überführt, welche später in das abschließende Gutachten eingebunden wird. Anschließend müssen die DNA-Identifizierungsmuster von Personen bzw. DNA-Merkmale von Spuren, die von einer Person verursacht wurden oder aus denen eine Hauptkomponente abgeleitet werden konnte, mit den DNA-Merkmalen der vorliegenden Merkmalmischungen abgeglichen und evtl. Übereinstimmungen gutachterlich bewertet werden. Die rein verbale Interpretation der Befunde ist jedoch, gerade für Polizei, Staatsanwaltschaft und Gericht und im Besonderen bei umfangreichen Fällen sehr komplex und wenig überschaubar. Aus diesem Grund werden die übereinstimmenden Allele einer Person, welche in einer Mischung zu finden sind, von Hand farblich hinterlegt.

2.3 Schlussphase der Gutachtenerstellung

Die ausgedruckte und ggf. farblich markierte Ergebnistabelle wird zusammen mit allen Elektropherogrammen, Meldebögen und biostatistischen Berechnungen an einen Zweitgutachter weitergegeben (Abb. 8). Dieser prüft die erstellte Ergebnistabelle anhand der beigelegten Ausdrucke und korrigiert diese, falls nötig. Somit werden alle erhobenen Daten und Aussagen nach dem 4-Augen-Prinzip kontrolliert. Im Anschluss daran wird das Gutachten diktiert, geschrieben, von beiden Gutachtern korrigiert, gedruckt, von beiden Gutachtern sowie der Institutsleitung unterschrieben und abschließend an den Auftraggeber versandt.

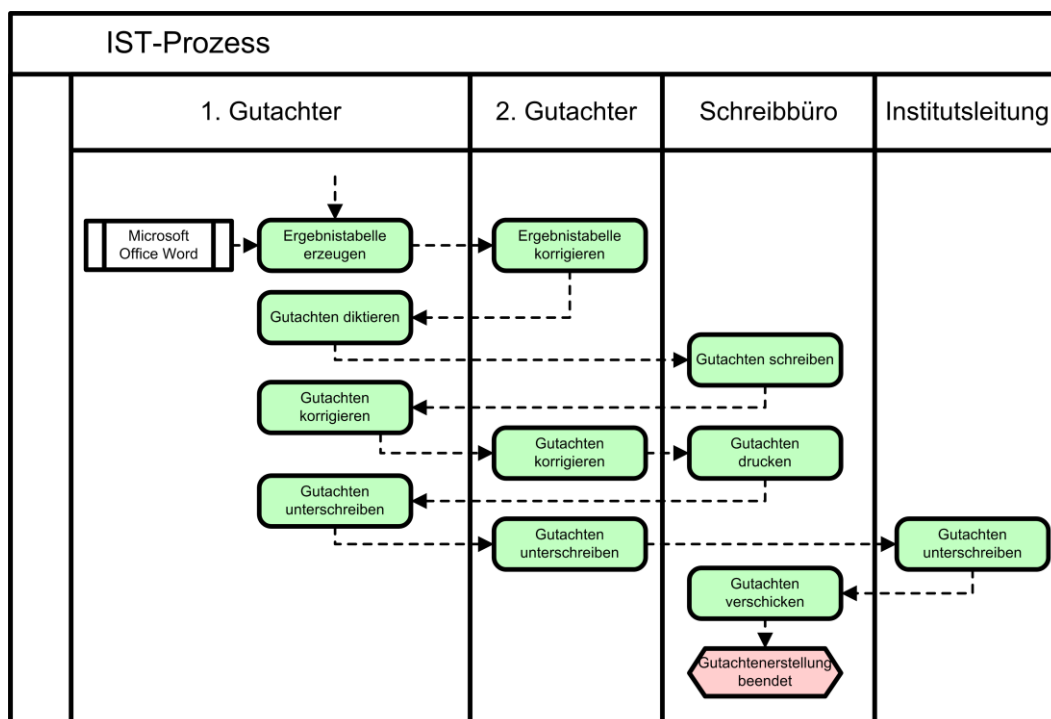


Abb. 8: Darstellung der letzten Arbeitsschritte bis hin zum Versand des fertiggestellten Gutachtens

Weitere technische Entwicklungen, die während der Erstellung dieser Arbeit in der DNA-Abteilung stattgefunden haben, jedoch keinen Bezug zu den hier entwickelten Softwareprodukten aufweisen, sind der Vollständigkeit halber im Kapitel 7.4 aufgeführt.

3 SOLL-Prozess und konzeptionelle Entwicklung

Auf der Grundlage des aktuellen IST-Prozesses und den damit einhergehenden Softwareprodukten, Geräten und Arbeitsschritten wurde ein neuer SOLL-Prozess entwickelt. Dieser bezieht sich speziell auf die Anforderungen einer umfangreichen Kontaminationskontrolle. Dadurch soll der bisher nur in einem geringen Ausmaß mögliche Mitarbeiter-Spur-Abgleich auf möglichst viele Mitarbeiter ausgeweitet werden. Darüber hinaus sollen zukünftig Spur-Spur-Vergleiche durchführbar sein. Dies ist bisher auf manuellem Weg aufgrund des hohen Untersuchungsaufkommens nicht möglich. So kann die Sicherheit der im abschließenden Gutachten aufgeführten Ergebnisse erhöht werden. Des Weiteren ist die Beseitigung des Medienbruches im Bereich der Zusammenfassung der Analysedaten aus mehreren Bestimmungen geplant. Dieser Prozessabschnitt ist mit einer erhöhten Fehleranfälligkeit und einem zum Teil beträchtlichen Arbeitszeiteinsatz behaftet. Weiterhin soll der Abgleich beispielsweise von Vergleichsproben tatverdächtigter oder geschädigter Personen mit den innerhalb eines Falles vorliegenden Tatortspuren sowie die optische Aufbereitung dieser Ergebnisse automatisiert werden. Durch die Unterstützung dieses Prozessschrittes mittels einer Softwarelösung sollen ebenfalls die Fehleranfälligkeit sowie der notwendige Arbeitsaufwand minimiert werden. Der entwickelte SOLL-Prozess stellt eine mögliche Form des zukünftigen Bearbeitungsablaufes für die forensische Gutachtenerstellung in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München dar. Dafür wurden zum Teil grundlegende Strukturen verändert, bestehende Schritte verbessert aber auch bewährte Abläufe beibehalten. Einen Überblick über einen möglichen SOLL-Prozess stellt die Abb. 9 dar. Die einzelnen Prozessschritte wurden erneut mithilfe einer EPK in einem Swimlane-Diagramm dargestellt (detaillierte Notation der EPK, Kapitel 2, Tabelle 1). Auch hier wurde zur besseren Veranschaulichung zum Teil auf die Einhaltung der Anordnung „Ereignis - Funktion - Ereignis“ verzichtet. Ebenso wie im IST-Prozess sind der Laborteil in der ersten, die Aufgaben des Erstgutachters in der zweiten und die des Zweitgutachters in der dritten Spalte abgebildet. Die Bereiche des Schreibbüros und die der Institutsleitung sind in den letzten beiden Spalten dargestellt. Bereits die allgemeinen technischen Entwicklungen in der DNA-Abteilung (Kapitel 7.4) begründen eine Veränderung des im Kapitel 2 aufgezeigten IST-Prozesses. Jedoch haben diese Entwicklungen keinen Einfluss auf die Komponenten, die im Rahmen dieser Arbeit verändert bzw. neu integriert werden sollen und in der Abb. 9 gelb dargestellt sind. Im Verlauf dieses Kapitels werden die konzeptionelle Entwicklung dieser einzelnen Softwarelösungen sowie die an diese Produkte gestellten Anforderungen eingehend beschrieben.

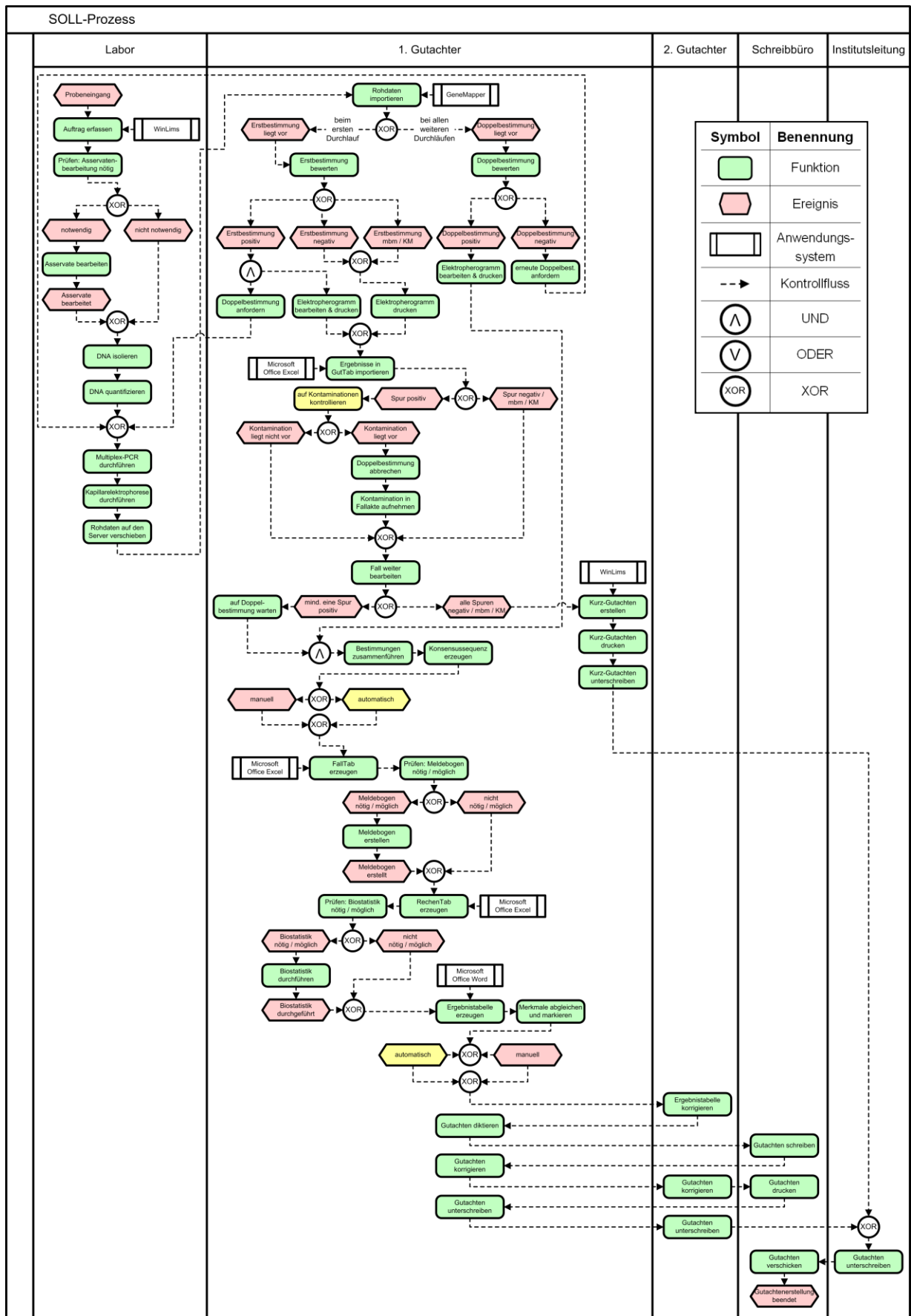


Abb. 9: SOLL-Prozess der forensischen Gutachtenerstellung
in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München

3.1 Kontaminationskontrolle

Bei der Laborarbeit in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München ist besonders die Aufdeckung von möglichen Kontaminationen durch Mitarbeiter der Abteilung bzw. des Instituts zu gewährleisten. Nicht nur in den Laboren der Abteilung, sondern auch bei Sektionen oder körperlichen Untersuchungen von Opfern bzw. Beschuldigten könnte es zu einer Kontamination der entnommenen Proben kommen. Eine weitere Kontaminationsgefahr besteht durch Reinigungskräfte und Servicetechniker, die die Labore der Abteilung betreten müssen. Darüber hinaus könnte es bereits bei der Tatortarbeit zu einer Kontamination der Proben durch den Spurensicherer kommen. Zu Beginn dieser Arbeit konnte dieser Mitarbeiter-Abgleich im Excel-Format mit maximal 35 Datensätzen durchgeführt werden. Darin enthalten sind jedoch auch die DNA-Profile der im Labor eingesetzten Positivkontrollen der einzelnen Untersuchungsschritte, weshalb sich die Anzahl der gespeicherten Personendatensätze weiter reduziert. Darüber hinaus werden von den routinemäßig 16 untersuchten DNA-Systemen nur vier definierte DNA-Systeme für diesen Abgleich herangezogen. Bei sehr komplexen Mischungen kommt es somit zur Anzeige vieler falsch positiver Treffer. Aufgrund der Begrenzung auf nur 35 DNA-Profile sowie der Einbeziehung von nur vier DNA-Systemen ist eine Neugestaltung dieses Bereichs dringend erforderlich. Um eine möglichst große und erweiterbare Liste an Personen, die als mögliche Verursacher einer Kontamination in Frage kommen könnten, abzugleichen, soll eine Datenbank mit den DNA-Profilen der entsprechenden Personen etabliert werden. Diese Datenbank soll somit als Grundlage zur Überprüfung aller im Labor untersuchten Spuren dienen, um mögliche Kontaminationen durch Mitarbeiter etc. aufzudecken, wobei alle untersuchten DNA-Systemen zum Abgleich herangezogen werden müssen.

Die Aufdeckung von Spur-Spur-Kontaminationen in den Laboren der Abteilung Forensische Molekularbiologie stellt einen weiteren wichtigen Punkt dar. Diese Art von Abgleich ist aufgrund der großen Datenmenge sowie des gestiegenen Datenvolumens pro Spur bisher manuell nicht zu leisten. Dennoch ist dieser Abgleich zwingend erforderlich, um die Datensicherheit während des Labor- und Auswertungsprozesses zu gewährleisten. Dafür ist es notwendig die DNA-Identifizierungsmuster von Vergleichspersonen bzw. DNA-Merkmale von Spuren, die von einer Person verursacht wurden oder aus denen eine Hauptkomponente abgeleitet werden konnte, in einer internen Datenbank zusammenzustellen. Diese Ein-Personen-Profile werden nachfolgend als Vergleichsmuster bezeichnet. Die DNA-Identifizierungsmuster dieser Vergleichsmuster werden im Laufe der Gutachtenerstellung auf einen Meldebogen übertragen und dem Landeskriminalamt zur Einstellung in die deutsche DNA-Analysedatei übermittelt. Diese Identifizierungsmuster sollen jedoch vorab mit den im Labor untersuchten, nicht mit dem entsprechenden Fall in Zusammenhang stehenden Tatortspuren abgeglichen werden, um Kontaminationen auszuschließen. Mit diesem Verfahren könnten auch Hinweise auf Reagenzienkontaminationen, wie im Fall der verunreinigten Wattetupfer erhalten werden [Primorac und Schanfield, 2014]. Da dieser Spur-Spur-Abgleich jedoch sehr zeitintensiv ist und dauerhaft stabil ablaufen soll, ist eine Abarbeitung über Nacht denkbar. Sollte eine Person bzw. abgeleitete Hauptkomponente als Verursacher einer Tatortspur, die nicht zu dem entsprechenden Fall gehört, in Frage kommen, soll dies dem Gutachter angezeigt werden. Die Aufgabe des Gutachters besteht anschließend

darin, zu überprüfen, ob es sich dabei um eine Spur-Spur-Kontamination handelt oder ob dies ausgeschlossen werden kann. Eine Gegenüberstellung des vorliegenden IST-Prozesses und dem im Rahmen dieser Arbeit entwickelten SOLL-Prozess kann der Abb. 10 entnommen werden.

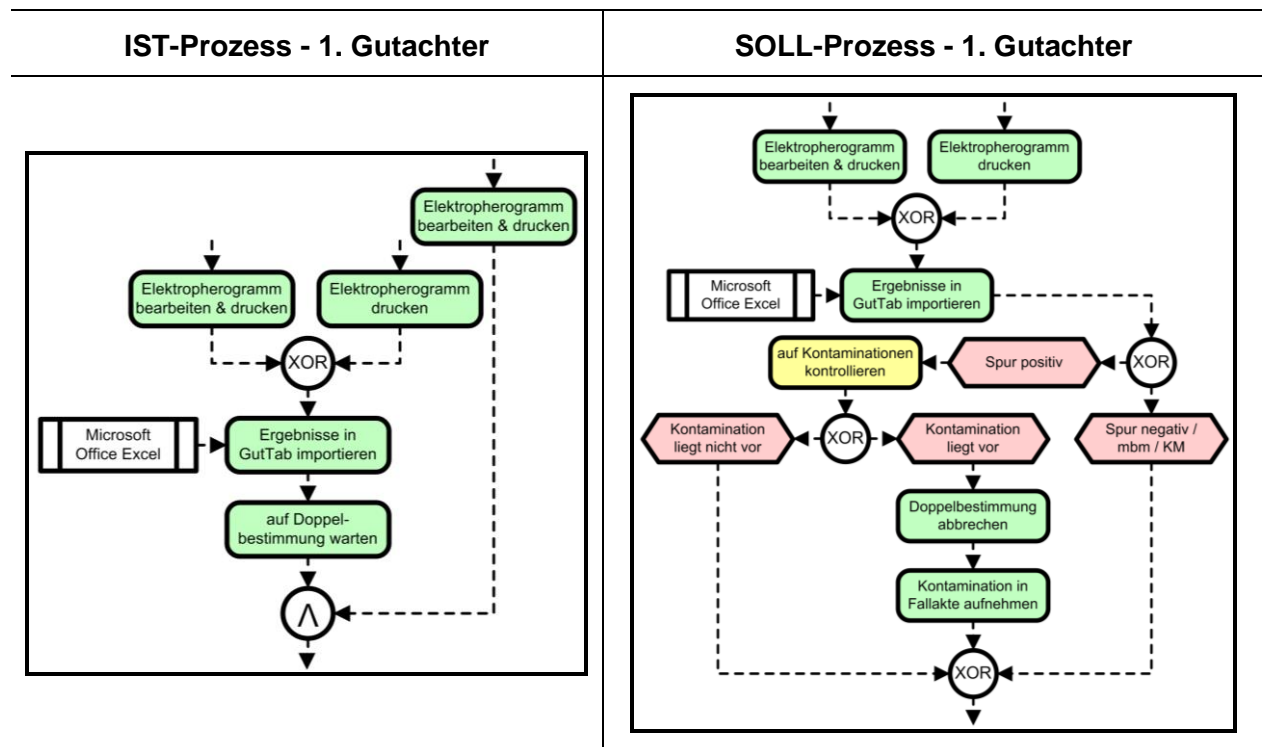


Abb. 10: Gegenüberstellung IST- vs. SOLL-Prozess: Kontaminationskontrolle

3.1.1 Datenstruktur und Datenimport

Zu Beginn der Entwicklung der Datenbank stellt sich die Frage, welche Datensätze (Mischungen, Vergleichsmuster, Mitarbeiter) gegeneinander abgeglichen und in welcher Form diese Datensätze an die Datenbank übergeben werden sollen. Eine wichtige Voraussetzung dafür ist, dass der über Jahre eigens entwickelte Workflow (Auswertung mittels Microsoft® Office Excel und Word, Kapitel 2.2.2 und 2.2.3), der die Basis der DNA-Abteilung darstellt, nicht grundlegend verändert wird. Aus diesem Grund müssen für neue Softwareprodukte Schnittstellen zum aktuellen Prozessablauf geschaffen werden: Nach der Bewertung der Elektropherogramme im inzwischen eingeführten Analyseprogramm GeneMapper® (weitere technische Entwicklungen Kapitel 7.4), sollen die Analysedaten weiterhin in die GutTab überführt werden. Ausgehend von dieser Exceltabelle sollen wie bisher die Fall- und Rechentabellen erzeugt werden. Demnach stellt die GutTab eine geeignete Schnittstelle für die Datenbank dar. Alle aus der Analyse erhaltenen Merkmale jeder Probe sind hier zeilenweise in jeweils vier Zellen pro DNA-System dargestellt (Abb. 5, Kapitel 2.2.2).

Eine weitere Voraussetzung für die Datenbank stellt die eindeutige Definition der einzelnen Datensätze dar, welche gegeneinander abgeglichen werden sollen. Die erste Gruppe an Datensätzen beinhaltet DNA-Identifizierungsmuster von Mitarbeitern, Servicetechnikern, Spurensicherern etc. sowie die der internen DNA-Positivkontrollen. Diese sollen über das Kürzel 'MA' definiert und langfristig in der Datenbank gespeichert werden. Eine Erweiterung der Liste dieser Profile muss jederzeit möglich sein. Auch sollen DNA-Profile inaktiviert

werden können, wenn Mitarbeiter zum Beispiel seit längerer Zeit nicht mehr im Institut tätig sind und somit als mögliche Verursacher einer Kontamination ausscheiden. Grundsätzlich sollen jedoch keine Datensätze gelöscht werden - es muss jederzeit nachvollziehbar sein, welche Datensätze zu welchem Zeitpunkt in der Datenbank aktiv waren. Demnach soll auch die Möglichkeit bestehen, eine Inaktivierung von Datensätzen entsprechend zu dokumentieren.

Die zweite Gruppe an Datensätzen stellen Merkmalmischungen dar. Diese Spuren, bei denen biologisches Material von mehr als einer Person vorliegt, sollen mit dem Kürzel 'Spur' definiert werden. In diesen Mischungen kann nach DNA-Merkmalen von Mitarbeitern sowie nach Merkmalen von Vergleichsmustern gesucht werden. Ein Abgleich zwischen zwei Mischungen (Spuren, die von mehreren Personen verursacht wurden) erlaubt kein aussagekräftiges Ergebnis und soll nicht durchgeführt werden. Zunächst sollten diese Mischungen ebenfalls langfristig in der Datenbank gespeichert werden. Bei einem Spurenaufkommen von ca. 12.000 bis 15.000 Spuren im Jahr, wovon ein Großteil Mischungen darstellt, würde die Menge an gespeicherten Spuren in der Datenbank jedoch sehr schnell ansteigen. Darüber hinaus ist eine langfristige Speicherung der Mischungen nicht notwendig. Denn zu einer Kontamination, ausgehend von einem Mitarbeiter auf eine Tatortspur, kommt es entweder direkt bei der Spurensicherung oder bei der Analyse im Labor. Diese Art der Kontamination kann sofort detektiert werden. Kommt es zu einer Spur-Spur-Kontamination, beispielsweise von einer Blutspur auf eine andere, nicht mit dem Fall in Zusammenhang stehenden Tatortspur, so kann dies möglicherweise bei den verschiedenen Bearbeitungsschritten im Labor auftreten, wenn beide Fälle hintereinander abgearbeitet wurden. Ebenso kann es zu einer Kontamination, ausgehend von einem Mundschleimhautabstrich einer Vergleichsperson auf eine Tatortspur, kommen (im Rahmen dieser Arbeit wird dies ebenfalls als Spur-Spur-Kontamination bezeichnet). Eine Kontamination einer Tatortspur durch eine andere Spur bzw. Vergleichsspeichelprobe, die bereits vor Monaten im Labor untersucht wurde, ist aufgrund durchgeführter Reinigungs- und Dekontaminationsschritte praktisch auszuschließen. Demnach sollen Spuren, die von mehr als einer Person verursacht wurden, nur über einen kurzen, jedoch genau definierten Zeitraum in der Datenbank hinterlegt werden - ein temporärer Speicher, beispielsweise für einige Wochen, ist denkbar.

Die dritte Gruppe an Datensätzen stellen die Vergleichsmuster dar, die mit dem Kürzel 'VM' definiert werden. Bei Vergleichsmustern kann es sich um folgende Datensätze handeln:

1. Ein-Personen-Spuren (z.B. Blutspur),
2. aus einer Merkmalmischung abgeleiteten Hauptkomponente (partiell oder vollständig) oder
3. Vergleichsspeichelproben (Mundschleimhautabstrich einer Vergleichsperson).

Diese Vergleichsmuster haben das Potenzial aufgrund ihrer hohen DNA-Qualität und -Quantität eine andere, nicht mit dem Fall in Zusammenhang stehenden Tatortspur, zu kontaminieren. Demnach sollen diese DNA-Profile langfristig in der Datenbank gespeichert werden.

Darüber hinaus ergeben sich weitere Anforderungen an die Datenbank: Ebenso kann der Fall eintreten, dass die DNA-Merkmale einer abgeleiteten Hauptkomponente, also eines Vergleichsmusters, mit denen eines Mitarbeiters übereinstimmen. Um diese Kontamination

aufdecken zu können, ist es ebenfalls notwendig, dass ein Abgleich zwischen den DNA-Profilen der Mitarbeiter und denen der Vergleichsmuster durchgeführt wird.

Wenn es des Weiteren zu einer Kontamination einer Blutspur auf eine andere nicht mit dem Fall in Zusammenhang stehenden Tatortspur kommt, die darüber hinaus nur eine sehr geringe DNA-Menge aufweist, finden sich möglicherweise nur noch die Merkmale der Blutspur in der kontaminierten Tatortspur wieder. Aus diesem Grund sollen auch Vergleichsmuster untereinander abgeglichen werden.

Die Übersendung der Datensätze an die Datenbank, unabhängig davon, um welche Datensätze es sich handelt, wird als Job bezeichnet.

In der Tabelle 5 sind alle im Rahmen dieser Arbeit entwickelten Speichervorgänge dargestellt. Beim Starten eines Jobs mit Spuren und/oder Vergleichsmustern sollen diese Datensätze von der Software automatisch in dem oben genannten temporären Speicher hinterlegt werden. Darüber hinaus soll der Gutachter die Möglichkeit haben Vergleichsmuster und auch Mitarbeiter langfristig in der Datenbank zu speichern. Diese Speicherung soll manuell erfolgen. In der Tabelle 6 sind alle entwickelten Abgleichvorgänge aufgeführt. Wird ein Job mit Spuren übersandt, sollen diese mit allen im temporären Speicher hinterlegten Vergleichsmustern sowie mit allen manuell langfristig gespeicherten Vergleichsmustern und Mitarbeitern verglichen werden. Beim Starten eines Jobs mit Vergleichsmustern und/oder Mitarbeitern sollen diese mit den im temporären Speicher hinterlegten Spuren und/oder Vergleichsmustern sowie mit allen manuell langfristig gespeicherten Vergleichsmustern und Mitarbeitern abgeglichen werden.

Da der Mitarbeiter-Spur- sowie der Spur-Spur-Abgleich auf dem gleichen Abgleichprinzip basieren, wird eine Datenbankstruktur angestrebt, in der alle Vergleiche parallel durchgeführt werden können.

Tabelle 5: Darstellung aller geplanten Speichervorgänge
die mithilfe der Datenbank möglich sein sollen

Job	Automatische Speicherung bei jedem gestarteten Job im:	Inaktivierung
'Spur'	temporären Speicher 'Spur' + 'VM'	automatisch nach bspw. einigen Wochen
'VM'		
Job	Manuelle Speicherung, wenn gewünscht im:	Inaktivierung
'VM'	Langzeitspeicher 'VM'	nur manuell möglich
'MA'	Langzeitspeicher 'MA'	

Tabelle 6: Darstellung aller geplanten Abgleichvorgänge
die mithilfe der Datenbank möglich sein sollen

Job	automatisch durchgeführte Abgleichvorgänge bei jedem gestarteten Job mit dem:
'Spur'	temporären Speicher 'VM'
	Langzeitspeicher 'VM'
	Langzeitspeicher 'MA'
'VM' + 'MA'	temporären Speicher 'Spur' + 'VM'
	Langzeitspeicher 'VM'
	Langzeitspeicher 'MA'

Um die verschiedenen Datensätze an die Datenbank zu übersenden, sie dort einzuordnen und, je nach Datensatz automatisch zu speichern, wird eine genaue Struktur der Datensätze vorausgesetzt. Neben der Information, um welche Art des Datensatzes es sich handelt ('MA', 'VM' oder 'Spur'), sollen der Datenbank weitere Informationen übergeben werden. Dazu gehören die Laufbezeichnung (Spalte A in der GutTab, Abb. 5, Kapitel 2.2.2), die DNA-Nummer (Spalte D in der GutTab) und die Materialbezeichnung (Straßenname des Tatorts inkl. Spurennummer, Spalte E in der GutTab). Darüber hinaus sollen für den jeweiligen Datensatz die untersuchten DNA-Systeme mit den detektierten Merkmalen an die Datenbank übergeben werden.

Weiterhin soll die Datenbank den Benutzer des Computers einlesen, in der Benutzeroberfläche anzeigen und als Absender des jeweiligen Jobs speichern. So kann jede Aktivität langfristig für jeden Gutachter nachvollzogen werden.

Eine weitere Anforderung an die Datenbank stellt die Möglichkeit der Einstellung der Rahmenbedingungen für den Abgleich zwischen den Datensätzen dar. Denn aufgrund mangelnder DNA-Qualität und/oder -Quantität kommt es immer wieder vor, dass nicht alle Merkmale des Vergleichsmusters in der Spur auftreten, dieses Vergleichsmuster als möglicher Verursacher einer Kontamination jedoch nicht grundsätzlich auszuschließen ist. Die maximale Anzahl an fehlenden Allelen abhängig von der Anzahl der übereinstimmenden DNA-Systeme, bei denen trotzdem noch die Anzeige einer möglichen Kontamination erfolgen soll, muss zuvor in dieser Drop Out-Tabelle festgelegt werden bzw. ggf. variabel einstellbar sein. Da diese Rahmenbedingungen erhebliche Auswirkungen auf den Daten-Output haben, der dem Gutachter schlussendlich angezeigt wird und der von ihm manuell bewertet werden muss, ist eine systematische Austestung unter sorgfältiger Abwägung von Datensicherheit vs. Arbeitsaufwand nötig. Ab diesem Zeitpunkt muss die Datenverarbeitung unabhängig von der GutTab erfolgen, sodass der eigentliche Prozess der Gutachtenerstellung nicht eingeschränkt wird. Somit ist eine von der Exceltabelle unabhängige Anwendung Voraussetzung für einen reibungslosen Workflow innerhalb der DNA-Abteilung.

3.1.2 Verarbeitung und Darstellung der Daten

Um unabhängig vom bestehenden Workflow weiterarbeiten zu können, ist die Erstellung einer eigenständigen Benutzeroberfläche für die Datenbank zwingend erforderlich. Diese muss unabhängig von allen Exceltabellen bedienbar sein. Darin soll nach dem Öffnen ersichtlich sein, welche Datensätze vom aktuellen Anwender an die Datenbank übermittelt wurden. Auch muss erkennbar sein, um welche Art von Datensätzen es sich handelt ('MA', 'VM' oder 'Spur') bzw. welche Datensätze bereits abgearbeitet wurden. Eine entsprechende Anzeige wird angestrebt.

Eine weitere Anforderung an die Datenbank stellt die Anzeige der Treffer, also der möglichen Kontaminationen, dar. Diese Anzeige basiert auf den Einstellungen in der Drop Out-Tabelle. Eine Benutzeroberfläche, die die Ergebnisse des Abgleichs übersichtlich präsentiert, ist demnach erforderlich und soll im Rahmen dieser Arbeit entwickelt werden. Sinnvoll ist es weiterhin, die beiden Datensätze, die miteinander getroffen haben, bereits mit ihren DNA-Merkmalen anzuzeigen, sodass eine erste Überprüfung möglich ist. Ebenso muss klar erkennbar sein, aus wie vielen Systemen die beiden Datensätze jeweils bestehen und ob die Gesamtheit oder nur Teile dieser Systeme zum Abgleich herangezogen werden konnten. Denn abhängig davon, welcher Kit für die DNA-Analyse genutzt wurde, kann sich die Anzahl der untersuchten Systeme ändern. Aber auch bei degradierter DNA liegen möglicherweise nicht in allen Systemen vollständige Analyseergebnisse vor. Hierauf sollte der Gutachter durch eine Meldung hingewiesen werden.

Je nachdem ob ein Mitarbeiter mit einer Mischung getroffen hat oder ob ein Treffer zwischen zwei Vergleichsmustern vorliegt, muss dies für den Gutachter eindeutig erkennbar sein. Anschließend muss der Gutachter die Treffer bewerten. Stellt der dargestellte Treffer tatsächlich eine Kontamination dar, soll diese in der Datenbank gespeichert werden. Ist bei dem dargestellten Treffer nicht von einer Kontamination auszugehen, soll dieser Treffer nicht gespeichert werden. Des Weiteren ist es notwendig, dass die bestätigten Kontaminationen in der Datenbank abrufbar sind - so soll auch nach einem bestimmten Zeitraum (z.B. einem Jahr) ein Überblick über die Anzahl der bei der Spurensicherung bzw. im Labor aufgetretenen Kontaminationen zur Verfügung stehen. Auf dieser Grundlage könnten beispielsweise Verbesserungsvorschläge für die entsprechenden Bereiche erarbeitet werden.

Weiterhin sollen alle an die Datenbank übermittelten und langfristig gespeicherten Daten angezeigt werden können (z.B. Filterung nach Datum, Gutachter etc.). So wäre klar erkennbar, welche Daten aktuell zum Abgleich herangezogen werden. Eine Software, die, ähnlich einer Black Box, keine Möglichkeit zur Überprüfung durch den Gutachter erlaubt, ist zu vermeiden. Auch muss dokumentiert werden können, welcher Gutachter, welchen Mitarbeiter gespeichert bzw. inaktiviert hat.

3.1.3 Weitere Anforderungen an die Software

Wird ein Treffer durch den Gutachter als Kontamination bestätigt, soll diese Information nicht nur in der Datenbank gespeichert, sondern ebenfalls in der GutTab vermerkt werden. Dafür muss die Softwarelösung den entsprechenden Datensatz in der GutTab ermitteln. Es wird angestrebt, dass bei der Übersendung der Datensätze an die Datenbank eine Job-ID inkl. Datum in der GutTab hinterlegt wird. Mittels dieser Job-ID könnte die Datenbank den

entsprechenden Datensatz ermitteln und einen Vermerk in der Spalte der kontaminierten Probe einfügen. Darüber hinaus soll der Gutachter anhand der Eintragungen der Job-ID in der GutTab sehen können, dass dieser Datensatz bereits an die Datenbank übermittelt wurde, wodurch sich ebenfalls eine Kontrollfunktion ergibt.

Um Fehler innerhalb der Datensätze zu erkennen, ist es notwendig, dass die Software vorab eine Fehlerüberprüfung durchführt. Besonders hervorzuheben ist an dieser Stelle, dass die Datenbank keine selbstständige Fehlerkorrektur vornehmen darf - diese Aufgabe obliegt ausschließlich dem Gutachter. Beispielsweise müssen OL-Allele aus dem Datensatz entfernt bzw. korrigiert werden. Dabei handelt es sich um Merkmale, die mithilfe der GeneMapper® Software nicht benannt werden konnten, da sie außerhalb der Leiter (Off Ladder) liegen. Wünschenswert ist demnach auch eine Anzeige für den Gutachter, in welchem Datensatz und welchem DNA-System der Fehler aufgetreten ist. Dadurch kann die Fehlersuche bei mehreren übermittelten Datensätzen erleichtert werden.

Ebenso ist es erforderlich, den Gutachter über die einzelnen Schritte innerhalb der Bearbeitung zu informieren. Jede Aktion, die der Gutachter ausführt, soll über eine Messagebox bestätigt werden. Auch müssen Korrekturen bei der Bestätigung von Kontaminationen möglich sein. Abhängig von der Menge der Proben, die an die Datenbank übermittelt wurden bzw. die in der Datenbank gespeichert sind, kann eine Abarbeitung der Jobs über Nacht erforderlich sein, da dieser Prozess sehr zeitintensiv sein könnte, jedoch dauerhaft stabil ablaufen muss. In diesem Sinne ist es wichtig, dass auch beim Schließen der Software keine angezeigten Treffer verloren gehen. Der Bearbeitungszustand der einzelnen Datensätze muss in der Datenbank erhalten bleiben, bis der Gutachter die Software erneut öffnet und die angezeigten Treffer abschließend bewertet.

Weiterhin wird eine Einteilung in zwei verschiedene Berechtigungsgruppen angestrebt. Die Gutachter sollen mit ihren individuellen Kürzeln als Benutzer der Datenbank angelegt werden. Sie hätten somit die Möglichkeit, Jobs an die Datenbank zu übermitteln, Einstellungen in der Drop Out-Tabelle vorzunehmen, mögliche Kontaminationen zu bewerten und Mitarbeiter sowie Vergleichsmuster zu speichern bzw. diese zu inaktivieren. Darüber hinaus soll der Systemadministrator des Instituts für Rechtsmedizin München als Administrator in der Datenbank angelegt werden und weitere Rechte zugewiesen bekommen. Dazu gehört beispielsweise die Einstellung der Speicherdauer im temporären Speicher oder aber das Einfügen bzw. Inaktivieren von DNA-Systemen.

Bei einem Abgleich innerhalb der gleichen Auftragsnummer - also des gleichen Falls - muss berücksichtigt werden, dass ein Treffer, beispielsweise zwischen einer tatverdächtigen Person und der am Tatort gesicherten Spur, nicht als Kontamination zu werten ist. Demnach dürfen keine Abgleiche innerhalb der gleichen Auftragsnummer erfolgen. Die Software muss die Auftragsnummern demzufolge zuvor überprüfen.

Aufgrund der fortschreitenden Entwicklung der DNA-Analyse ist es ebenfalls erforderlich, dass die gesamte Datenbankstruktur mit ihren DNA-Systemen variabel und anpassbar aufgebaut ist. Beispielsweise werden bei der Einführung neuer Kits DNA-Systeme untersucht, die bisher keine Anwendung fanden. Eine Anpassung an solche Veränderungen soll jederzeit möglich sein.

3.2 Konsensus- und Composite-Ansatz

Den größten Teil der heute im forensischen Bereich untersuchten Spuren stellen Minimalspuren dar, die aus nur geringen DNA-Mengen bzw. aus DNA in degradiertem Zustand bestehen. Bei der molekulargenetischen Untersuchung von Tatortspuren werden derzeit routinemäßig 16 autosomal vererbte DNA-Systeme simultan in einer Multiplex-PCR koamplifiziert [Kimpton et al., 1993; Tucker et al., 2012]. Die untersuchten DNA-Marker weisen eine Länge von 60 bis 600bp auf. Liegt die DNA im degradierten Zustand vor, kann dies dazu führen, dass besonders die langen DNA-Fragmente nicht oder nichtreproduzierbar amplifiziert werden können. Dies kann schlussendlich zu einem unvollständigen DNA-Profil der Spur führen. Bereits an dieser Stelle stellt sich die Frage nach den einzusetzenden Untersuchungsreagenzien. Da die Multiplex-Kits verschiedener Hersteller unterschiedliche „Primer“-Sequenzen für die Amplifikation der einzelnen DNA-Systeme verwenden und somit die Amplikonlängen eines Systems je nach Kit stark voneinander abweichen, können sich, über stochastische Effekte hinaus, Unterschiede zwischen beiden Bestimmungen aus ein und derselben Probe ergeben [Albinsson et al., 2011; Garcia et al., 2012]. Im Hinblick auf eine möglichst hohe Reproduktionsrate stellt sich die Frage, ob die Doppelbestimmungen der Spuren mit dem Kit durchgeführt werden sollten, welcher auch für die Erstbestimmung genutzt wurde oder ob für Erst- und Zweitbestimmung zwei verschiedene Kits herangezogen werden sollten. Weiterhin kann besonders bei Minimalspuren die Erhöhung der Zyklenzahl in der PCR zur verbesserten Darstellung der Minorkomponente beitragen. Andererseits kann dies auch zu Heterozygotie Imbalancen oder dem Auftreten von unspezifischen Reaktionsprodukten führen [Forster et al., 2008]. Auch die Anzahl routinemäßig durchgeführter Wiederholungen einer Spur unterscheidet sich je nach Untersuchungsstelle und richtet sich nach der verfügbaren DNA-Menge sowie dem Kosten-Nutzen-Verhältnis einer dritten oder vierten Bestimmung einer Spur.

Im Anschluss an die kapillarelektrophoretische Auftrennung der Amplifikate erfolgen die Bewertung und Interpretation der Befunde. Da mindestens zwei Bestimmungen einer Spur vorliegen, müssen die Ergebnisse zusammengefasst werden. Dafür kann der Konsensus- oder aber der Composite-Ansatz genutzt werden. Bei der Bewertung der Befunde nach dem Konsensus-Ansatz muss festgestellt werden, welche Allele reproduzierbar, also in beiden Bestimmungen, detektiert werden konnten. Diese reproduzierbaren Merkmale werden anschließend in die Ergebnistabelle übernommen. Und auch nur diese werden in der nachfolgenden biostatistischen Beurteilung berücksichtigt. Nichtreproduzierbare Allele werden in der Ergebnistabelle gekennzeichnet oder beispielsweise als Zusatzbanden dargestellt. Sollte demnach in einem DNA-System das Merkmal eines Tatverdächtigen reproduzierbar vorkommen, kann dieser, bezogen auf dieses System, als Mitverursacher der Spur nicht ausgeschlossen werden. Kommt das Merkmal des Tatverdächtigen allerdings nur in einer der beiden Bestimmungen vor, kann der Tatverdächtige als Mitverursacher der Spur nur unter Einbeziehung der Zusatzbanden angegeben werden. Auch können durch den Konsensus-Ansatz ggf. Artefakte von reproduzierbaren Merkmalen abgegrenzt werden.

Bei der Befundinterpretation nach dem Composite-Ansatz werden alle detektierten Allele in die Ergebnistabelle übernommen; dies erfolgt unabhängig davon, ob sie reproduzierbar oder nichtreproduzierbar in beiden Bestimmungen auftraten. Liegt demnach das Merkmal des

Tatverdächtigen nur einmal vor, wird es dennoch in der Ergebnistabelle aufgeführt, und der Tatverdächtige kann als Mitverursacher angegeben werden. Allerdings werden auch Artefakte in die Ergebnistabelle aufgenommen, wodurch sich die Zahl der Merkmale innerhalb der Spur erhöht. Schlussendlich kann diese Vorgehensweise Auswirkungen auf die biostatistische Beurteilung sowie den Beweiswert der Spur haben. Vor- und Nachteile beider Methoden werden in der aktuellen Literatur kontrovers diskutiert [Bekaert et al., 2012; Bright et al., 2012; Cowen et al., 2011; Gill und Buckleton, 2010; Pfeifer et al., 2012].

Besonders bei Fällen, die aus mehreren oder auch hunderten von Spuren bestehen, ist eine manuelle Bewertung von zwei oder mehr Bestimmungen ein und derselben Spur nach dem Konsensus- oder Composite-Ansatz inklusive der Beurteilung der Peakhöhen nicht durchführbar bzw. enorm fehleranfällig. Um darüber hinaus auch die subjektive Beeinflussung der Auswertung durch den Gutachter auszuschließen und eine objektive und einheitliche Begutachtung der Spuren zu gewährleisten, soll die Bewertung der Ergebnisse mithilfe eines neu entwickelten Softwareproduktes automatisiert werden. Die geplante Veränderung des Prozessablaufes (Ausschnitt aus IST- und entwickeltem SOLL-Prozess) kann der Abb. 11 entnommen werden.

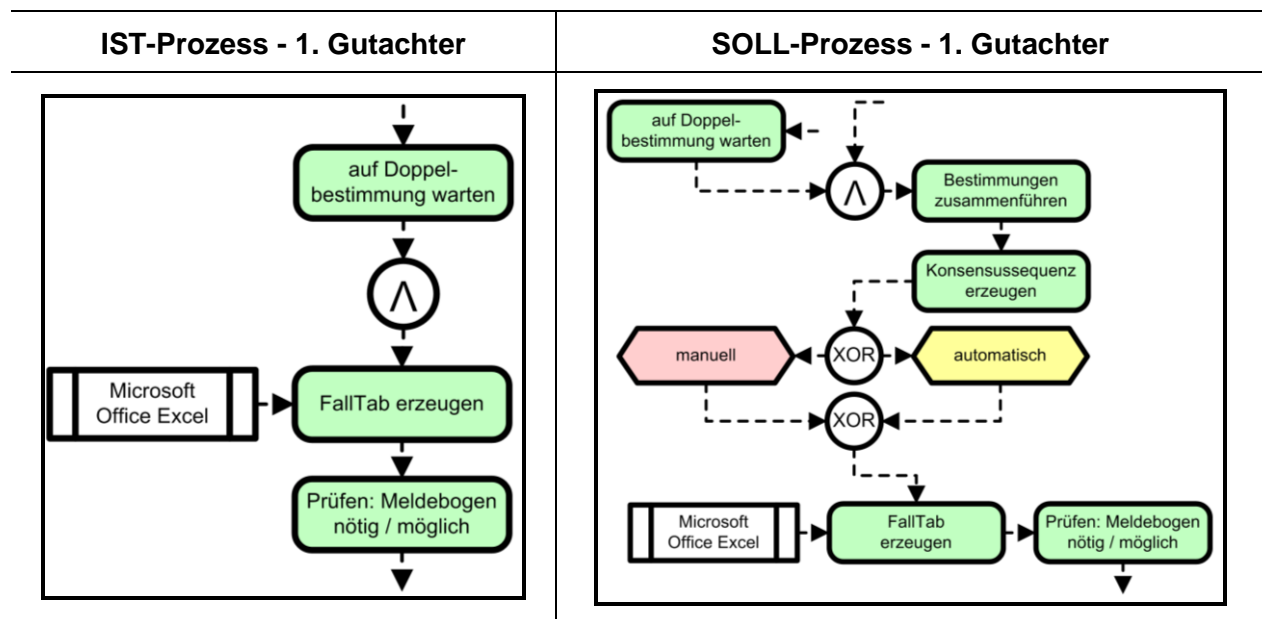


Abb. 11: Gegenüberstellung IST- vs. SOLL-Prozess: Konsensus- u. Composite-Ansatz

3.2.1 Datenstruktur und Datenimport

Für die Software zur Zusammenfassung der Analyseergebnisse nach dem Konsensus- oder Composite-Ansatz sollen zunächst die Daten in eine einheitliche Importdatei überführt werden. Auch in diesem Fall darf der aktuelle Workflow nicht beeinträchtigt werden. Die Ergebnisse aus der Erstbestimmung werden, wie bisher, in die GutTab überführt, sodass alle typisierten Proben ein Mal in der GutTab erfasst werden. Die Ergebnisse der Doppelbestimmungen ebenfalls in der GutTab zu speichern und diese Daten anschließend in die neue Software zu importieren, erscheint jedoch nicht zwingend notwendig, da diese Daten in der GutTab grundsätzlich nicht benötigt werden. Demnach sollen die Ergebnisse der Erst- und Zweitbestimmungen der Spuren bereits im GeneMapper® in einer Datei zusammengefasst werden. Mit der Erstellung der Importdatei aus dem GeneMapper®

ergeben sich keine Änderungen zum aktuellen Workflow, sodass der Gutachter bei kleinen Fällen ebenso auf die Softwareunterstützung verzichten und die Bewertung der Spuren weiterhin manuell vornehmen könnte. Die im GeneMapper® erzeugte Importdatei muss den Spurennamen, die Spurennummer, Datum und Uhrzeit des Laufs, die Laufbezeichnung, sowie die untersuchten DNA-Systeme mit ihren Allelen und den zugehörigen Peakhöhen enthalten. Die erstellte Datei mit allen Erst- und Zweitbestimmungen der untersuchten Spuren zu dem entsprechenden Fall soll anschließend als Importdatei für das neu entwickelte Softwareprodukt genutzt werden (Abb. 12). Folglich wird ein medienbruchfreier Import der Daten angestrebt. So können Fehler bei der manuellen Eingabe umgangen und die Konsistenz der Daten gewährleistet werden.

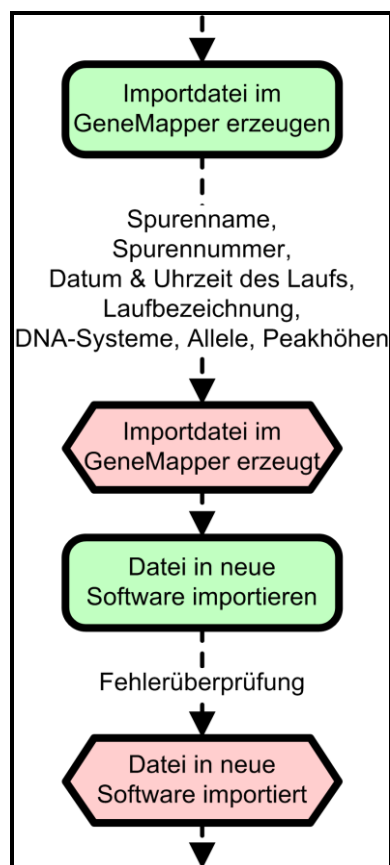


Abb. 12: Anforderungen an den Datenimport

Die im GeneMapper® erzeugte Importdatei muss anschließend von der neu entwickelten Software eingelesen werden können, wobei dies unabhängig von der Nutzung der Gut-, Fall- bzw. RechenTab erfolgen soll. Weiterhin ist es notwendig, die Erst- und Zweitbestimmungen einer Spur gemäß ihrer Spurennummer zuzuordnen und die Bestimmungen zusammenzufassen. Des Weiteren ist geplant auch jene Spuren aufzuführen, von denen keine Doppelbestimmung vorliegt, da diese bei der Erstbestimmung nicht auswertbar waren (negativ, mbm oder KM) - so ergibt sich eine weitere Kontrollfunktion.

Darüber hinaus soll die angestrebte Softwarelösung beim Datenimport eine Fehlerüberprüfung durchführen (Abb. 12). Beispielsweise dürfen keine OL-Allele in der Spur auftreten. Alle Allele müssen benannt sein, um diese anhand ihrer Peakhöhen bewerten zu können. Entsprechende Fehler müssen von der Software möglichst detailliert angezeigt, dürfen jedoch nicht selbstständig korrigiert werden.

3.2.2 Allelic Balance Level

Im Anschluss an eine ggf. notwendige Fehlerkorrektur soll die Berechnung des sogenannten „Allelic Balance Level“ (ABL) möglich sein. Nach der Publikation von Bekaert et al. [Bekaert et al., 2012] soll durch die Einstellung des ABL das Peakhöhenverhältnis der einzelnen Merkmale zueinander innerhalb eines DNA-Systems ermittelt werden. In der Tabelle 7 ist die Berechnung des ABL anhand des bereits in Kapitel 2.2.2 verwendeten Beispiels dargestellt. Bei der Erstbestimmung traten in dem betrachteten DNA-System die Merkmale 10, 11, 12 und 13 auf. Die zugehörigen Peakhöhen sind in der Zeile darunter aufgeführt. Der höchste Peak in diesem System stellt das Merkmal 11 mit 1200rfu dar, welcher bei der Bewertung dieser Bestimmung somit ohne Klammer dargestellt wird. Die Peakhöhen aller weiteren Merkmale werden nun durch die Peakhöhe des Referenzpeaks 11 geteilt. Der erhaltene Wert stellt den ABL für die Merkmale 10, 12 und 13 dar und ist ebenfalls in der Tabelle aufgeführt. Bei einem definierten ABL von beispielsweise 0,2 werden alle Merkmale, deren ABL unter 0,2 liegen in runden Klammern dargestellt. Merkmale, bei denen sich ein $ABL \geq 0,2$ ergibt, werden ohne Klammerung vermerkt. Unabhängig von der Erstbestimmung wird der ABL für die Zweitbestimmung berechnet. In der Zweitbestimmung konnte das Merkmal 10 nicht nachgewiesen werden. Als Referenzpeak tritt wiederum das Merkmal 11 mit 1400rfu auf. Erneut wird der ABL für die Merkmale 12 und 13 berechnet und das Ergebnis, gemäß dem vorgegebenen ABL von 0,2, dargestellt.

Tabelle 7: Berechnung des ABL nach Bekaert et al. [Bekaert et al., 2012].

Die Zusammenfassung der Ergebnisse erfolgt anhand eines ABL von 0,2.

	Merkmale innerhalb eines DNA-Systems				ermittelter ABL			Ergebnis
	10	11	12	13	10	12	13	
Erstbest. Peakhöhen (rfu)	200	1200	850	100	0,2	0,7	0,1	10 / 11 / 12 / (13)
Zweitbest. Peakhöhen (rfu)	---	1400	150	200	---	0,1	0,1	11 / (12) / (13)
	Zusammenfassung nach dem Konsensus-Ansatz: 11 / 12 / (13) / zb							
	Zusammenfassung nach dem Composite-Ansatz: [10] / 11 / 12 / (13)							

Liegt ein Merkmal in beiden Bestimmungen in runden Klammern vor, so wird dieses Merkmal in der Ergebnistabelle ebenfalls in runden Klammern dargestellt - im vorliegenden Beispiel ist dies anhand des Merkmals 13 (Tabelle 7) dargestellt. Entsprechend verhält es sich bei einem Merkmal, das in beiden Bestimmungen ohne Klammer dargestellt wurde (siehe Merkmal 11). Tritt ein Merkmal in einer Bestimmung in runden Klammern und in der anderen Bestimmung ohne Klammer auf, wird es in der Ergebnistabelle ohne Klammer dargestellt (siehe Merkmal 12, Tabelle 7). Diese Vorgehensweise bezieht sich sowohl auf den Konsensus- als auch auf den Composite-Ansatz.

Nach dem Konsensus-Ansatz finden jedoch nur die reproduzierbaren Merkmale mit der entsprechenden Klammersetzung Eingang in der Ergebnistabelle. Nichtreproduzierbare Merkmale werden bei diesem Ansatz als „zb“ für Zusatzbanden gekennzeichnet. Im Gegensatz dazu werden beim Composite-Ansatz auch die nichtreproduzierbaren Merkmale,

in diesem Fall in eckigen Klammern, in die Ergebnistabelle übernommen (Merkmal 10 im Beispiel der Tabelle 7). Beide Ansätze sind aktuell Themen wissenschaftlicher Diskussionen [Bekaert et al., 2012; Bright et al., 2012; Cowen et al., 2011; Gill und Buckleton, 2010; Pfeifer et al., 2012], weshalb derzeit keine verbindliche nationale bzw. internationale Einigung bezüglich der Anwendung einer der beiden Methoden existiert. Vielmehr bleibt es der einzelnen Untersuchungsstelle überlassen, sich auf eine der beiden Strategien festzulegen. Aus diesem Grund besteht eine wesentliche Anforderung an die künftige Software in der Ausgabe beider Ansätze. Die gewählte Darstellungsform mit runden und eckigen Klammern sowie die Abkürzung „zb“ sind ebenfalls nicht verbindlich geregelt und entsprechen der im Institut für Rechtsmedizin München festgelegten Nomenklatur zur Darstellung von Haupt- und Nebenkomponten sowie reproduzierbaren und nichtreproduzierbaren Merkmalen.

3.2.3 Weitere Anforderungen an die Software

Des Weiteren muss diese Softwarelösung eine Ergebnisdarstellung aus zwei oder auch mehr Bestimmungen gewährleisten können. Dies soll unabhängig davon erfolgen, ob die Bestimmungen mit Untersuchungsreagenzien gleicher oder unterschiedlicher Hersteller durchgeführt wurden. Das Ergebnis dieser automatisierten Datenverarbeitung soll anschließend in einer Excel- bzw. mit den unterschiedlichen Biostatistikprogrammen kompatiblen Datei ausgegeben werden. Auch könnte eine Berücksichtigung der Peakhöhen hinsichtlich der Einordnung in Haupt- und Nebenbestandteile innerhalb einer Merkmalmischung aufschlussreich sein. Die Parameter, die dieser Einordnung zugrunde liegen, sollten jederzeit manuell verändert werden können. Weiterhin ist geplant, dass die Software nur zehn Allele pro DNA-System in die Importdatei übernimmt. Bei mehr als zehn Allelwerten pro DNA-System sollte vom Gutachter überprüft werden, ob die Spur aufgrund der starken Degradation der DNA und/oder der großen Anzahl an Spurenverursachern, ein aussagekräftiges DNA-Profil erwarten lässt.

Wie bereits beschrieben, wird in der Routine von jeder positiv getesteten Spur mindestens eine unabhängige Doppelbestimmung durchgeführt. Jedoch kann es ggf. notwendig sein, eine dritte oder auch vierte Bestimmung durchzuführen. Aus diesem Grund soll die neu entwickelte Softwarelösung eine Bewertung der Spuren auch aus mehr als zwei Bestimmungen durchführen können. Diesbezüglich müssen Regeln definiert werden, nach denen die Merkmale in runden Klammern und Zusatzbanden (im Konsensus-Ansatz) bzw. in eckigen Klammern (im Composite-Ansatz) ausgegeben werden sollen. Gemäß dem Beispiel in der Tabelle 7 wird zunächst für jede Bestimmung der ABL berechnet. Anschließend müssen die Angaben jeder einzelnen Analyse zusammengefasst werden. In der Tabelle 8 sind alle möglichen Fälle bei insgesamt bis zu sieben Bestimmungen aufgeführt. Diese Anzahl an Bestimmungen wird in der Routine niemals durchgeführt, weshalb somit alle möglichen Fälle innerhalb dieser Tabelle abgedeckt werden.

Zunächst sind die Möglichkeiten dargestellt, bei denen das Merkmal 14 in einer von sieben Bestimmungen auftritt bis hin zum Auftreten des Merkmals in allen sieben Analysen. Tritt das Merkmal in mehr als der Hälfte der Bestimmungen ohne Klammer auf, so wird dieses ebenfalls ohne Klammer in der Ergebnistabelle aufgeführt. Liegt eine gerade Anzahl von Analysen vor, muss das Merkmal in mindestens der Hälfte aller Bestimmungen ohne

Klammerung auftreten, um Eingang in die Ergebnistabelle zu finden. Beim Auftreten in weniger als der Hälfte der Analysen wird das Merkmal als „zb“ für Zusatzbanden (im Konsensus-Ansatz) bzw. in eckigen Klammern (im Composite-Ansatz) dargestellt. Ebenso verhält es sich, wenn das Merkmal anhand des berechneten ABL in den jeweiligen Bestimmungen in runden Klammern detektiert wurde. Beim Auftreten in mehr als der Hälfte der Bestimmungen wird dieses Merkmal in runden Klammern in die Ergebnistabelle aufgenommen. Im weiteren Verlauf der Tabelle sind die Fälle aufgeführt, bei denen das Merkmal z.T. als Haupt- bzw. Nebenkomponente (ohne Klammerung bzw. in runden Klammern) auftritt. Hier ist zunächst entscheidend, ob das Merkmal - unabhängig von der Klammersetzung - in mehr als der Hälfte der Bestimmungen nachgewiesen werden konnte. Anschließend wird überprüft, wie oft das aufgetretene Merkmal mit bzw. ohne runde Klammer detektiert wurde. Abhängig davon, welcher Zustand öfter auftritt, wird das Merkmal in der Ergebnistabelle entsprechend dargestellt. Ergibt sich eine gleiche Anzahl zwischen dem Auftreten mit und ohne Klammerung, wird das Merkmal ohne Klammer in der Ergebnistabelle aufgeführt. Dies ist beispielsweise der Fall, wenn das Merkmal bei sieben Bestimmungen insgesamt sechs Mal detektiert wurde - in drei Fällen mit und in drei Fällen ohne runde Klammer. Gemäß diesen Vorgaben soll das Softwareprodukt die Bewertung der Spuren entsprechend der Anzahl der vorliegenden Bestimmungen vornehmen.

Tabelle 8: Logik für die Konsensus- bzw. Composite-Software

Auftreten des Merkmals in sieben Bestimmungen							14	(14)	Summe	Klammersetzung Konsensus / Composite
-	-	-	-	-	-	-	0	0	0	-
14	-	-	-	-	-	-	1	0	1	zb / [14]
14	14	-	-	-	-	-	2	0	2	zb / [14]
14	14	14	-	-	-	-	3	0	3	zb / [14]
14	14	14	14	-	-	-	4	0	4	14
14	14	14	14	14	-	-	5	0	5	14
14	14	14	14	14	14	-	6	0	6	14
14	14	14	14	14	14	14	7	0	7	14
(14)	-	-	-	-	-	-	0	1	1	zb / [14]
(14)	(14)	-	-	-	-	-	0	2	2	zb / [14]
(14)	(14)	(14)	-	-	-	-	0	3	3	zb / [14]
(14)	(14)	(14)	(14)	-	-	-	0	4	4	(14)
(14)	(14)	(14)	(14)	(14)	-	-	0	5	5	(14)
(14)	(14)	(14)	(14)	(14)	(14)	-	0	6	6	(14)
(14)	(14)	(14)	(14)	(14)	(14)	(14)	0	7	7	(14)
14	(14)	-	-	-	-	-	1	1	2	zb / [14]
14	(14)	(14)	-	-	-	-	1	2	3	zb / [14]
14	(14)	(14)	(14)	-	-	-	1	3	4	(14)
14	(14)	(14)	(14)	(14)	-	-	1	4	5	(14)
14	(14)	(14)	(14)	(14)	(14)	-	1	5	6	(14)
14	(14)	(14)	(14)	(14)	(14)	(14)	1	6	7	(14)
14	14	(14)	-	-	-	-	2	1	3	zb / [14]
14	14	(14)	(14)	-	-	-	2	2	4	14
14	14	(14)	(14)	(14)	-	-	2	3	5	(14)
14	14	(14)	(14)	(14)	(14)	-	2	4	6	(14)
14	14	(14)	(14)	(14)	(14)	(14)	2	5	7	(14)
14	14	14	(14)	-	-	-	3	1	4	14
14	14	14	(14)	(14)	-	-	3	2	5	14
14	14	14	(14)	(14)	(14)	-	3	3	6	14
14	14	14	(14)	(14)	(14)	(14)	3	4	7	(14)
14	14	14	14	(14)	-	-	4	1	5	14
14	14	14	14	(14)	(14)	-	4	2	6	14
14	14	14	14	(14)	(14)	(14)	4	3	7	14
14	14	14	14	14	(14)	-	5	1	6	14
14	14	14	14	14	(14)	(14)	5	2	7	14
14	14	14	14	14	14	(14)	6	1	7	14

Ausgehend von den in der Routine durchgeführten zwei Bestimmungen können Sonderfälle auftreten, die das neu entwickelte Softwareprodukt ebenfalls erkennen soll. Konnten in einer der beiden Bestimmungen Merkmale in einem DNA-System nachgewiesen werden, in der anderen Bestimmung dieses Systems wurde jedoch kein Merkmal detektiert, so wird im Institut für Rechtsmedizin München in der Ergebnistabelle die Bezeichnung „kTe“ für „kein Typ erhalten“ angegeben. Liegen in beiden Bestimmungen unterschiedliche Merkmale vor (z.B. 16/17 in der Erstbestimmung und 18/19 in der Zweitbestimmung), soll in der Ergebnistabelle die Abkürzung „mbm“ für „multiples Bandenmuster“ hinterlegt werden. Diese Bezeichnungen beziehen sich jedoch ausschließlich auf die Ergebniserstellung nach dem Konsensus-Ansatz. Beim Composite-Ansatz müssten die jeweils nur einmal aufgetretenen Merkmale in eckigen Klammern dargestellt werden.

Abschließend soll die Software alle durchgeführten Teilschritte sowie eingestellten Parameter nachvollziehbar dokumentieren. Darüber hinaus soll auch diese Software bzgl. der DNA-Systeme jederzeit erweiterbar sein, wobei diese Änderung ausschließlich durch den Systemadministrator erfolgen darf. Eine entsprechende Rechteverwaltung für Administrator und Anwender ist somit notwendig.

Eine Softwarelösung, die mehrere Ansätze gleichzeitig abbildet und darüber hinaus auch alle weiteren Kriterien berücksichtigt, ist derzeit nicht verfügbar. Lediglich Softwareprodukte, die die einzelnen Peakhöhen einer einzelnen Bestimmung betrachten und die höchsten Peaks der jeweiligen DNA-Systeme einem Hauptspurenverursacher zuordnen, sind derzeit erhältlich (Software GenoProof® Mixture 2 der Firma Qualitytype AG, [Qualitytype, 2015]). Jedoch ist es ausschließlich unter Betrachtung aller Bestimmungen einer Spur möglich, eine sichere Aussage darüber zu treffen, ob entsprechende Peaks tatsächlich einer Hauptkomponente zuzuordnen sind. Demnach stellt die Entwicklung eines Softwareproduktes zur automatischen Zusammenfassung der Analyseergebnisse unter Berücksichtigung aller genannten Kriterien eine besondere Herausforderung dar. Eine Software, welche beide Bewertungsansätze automatisiert ausführen könnte, wäre eine beachtliche Weiterentwicklung im Bereich der forensischen Spurenbewertung. Darüber hinaus würde dieses Produkt Fehler bei der manuellen Ergebnisdarstellung erheblich minimieren.

3.3 Abgleich und farbliche Markierung

Ein weiterer wichtiger Aspekt ist die verständliche Darstellung komplexer Untersuchungen und Ergebnisse in Form eines schriftlichen Gutachtens. Ziel muss es sein, die grundsätzlichen Aussagen des Gutachtens sowohl für die Auftraggeber von Polizei und Staatsanwaltschaft bzw., sollte das Gutachten im Rahmen einer Gerichtsverhandlung eingeführt werden, auch für alle Prozessbeteiligten möglichst einfach nachvollziehbar darzustellen. Dafür werden die im Laufe der Analyse gewonnenen Ergebnisse der Tatortspuren bzw. untersuchten Vergleichspersonen in der Ergebnistabelle am Ende des Gutachtens innerhalb einer Word-Datei zusammengefasst. Auch kann ein Abgleich mit weiteren Ergebnistabellen aus anderen Gutachten notwendig sein, wenn vom Auftraggeber ein Tatzusammenhang vermutet wird. Vom Gutachter muss abschließend eine Aussage darüber getroffen werden, ob eine tatverdächtige oder geschädigte Person als Verursacher bzw. Mitverursacher der untersuchten Tatortspuren in Frage kommt oder ob dies auszuschließen ist. Dafür müssen die

bei der forensischen DNA-Analyse erhaltenen Allele der Person in den zugehörigen analysierten Tatortspuren nachgewiesen werden. Auch die DNA-Merkmale von Spuren, die von einer Person verursacht wurden oder aus denen eine Hauptkomponente abgeleitet und die bislang nicht zugeordnet werden konnte, müssen mit allen, dem Fall zugehörigen Tatortspuren abgeglichen werden. Dieser Abgleich wird in der DNA-Abteilung des Instituts für Rechtsmedizin München routinemäßig per Hand durchgeführt. Zur besseren Darstellung der Ergebnisse wird den Vergleichspersonen bzw. den Spuren, die von einer Person verursacht wurden bzw. den abgeleiteten Hauptkomponenten, eine Farbkombination bestehend aus Hintergrund- und Textfarbe zugewiesen. Die entsprechenden DNA-Merkmale dieser Personen bzw. Hauptkomponenten werden anschließend auch in den Merkmalmischungen der Tatortspuren farblich markiert, wodurch ein übersichtliches Bild der Spurenlage präsentiert werden kann. Jedoch ist dieser Arbeitsschritt, besonders bei komplexen Fällen, enorm zeitaufwendig und fehleranfällig, weshalb eine Automatisierung dieses Prozesses vorgenommen werden sollte. Eine Gegenüberstellung der beiden Prozesse (Ausschnitt aus IST- und entwickeltem SOLL-Prozess) kann der Abb. 13 entnommen werden.

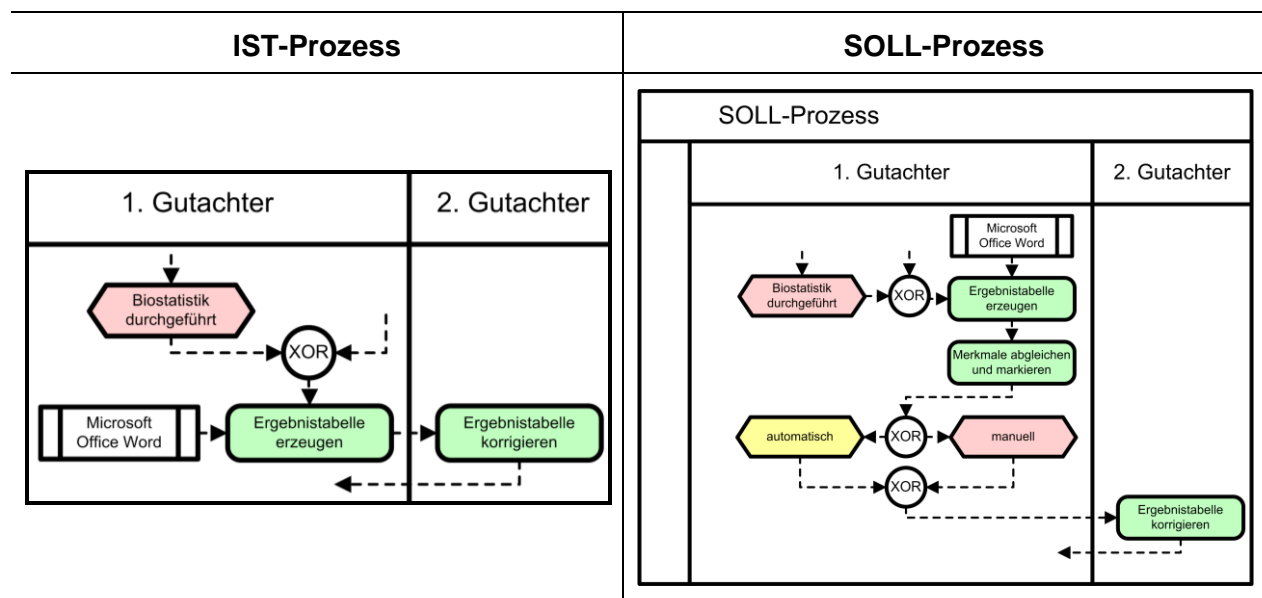


Abb. 13: Gegenüberstellung IST- vs. SOLL-Prozess: Abgleich u. farbliche Markierung

3.3.1 Datenstruktur und Datenimport

Die Ergebnisse aus zwei oder mehr Bestimmungen einer Spur liegen abschließend in einer Ergebnistabelle innerhalb einer Word-Datei vor. In dieser Tabelle müssen mögliche Vergleichspersonen und Hauptkomponenten bzw. Ein-Personen-Profile (Vergleichsmuster) mit allen dem Fall zugehörigen Tatortspuren abgeglichen werden. Als Anforderung an die zukünftige Software stellt sich somit zunächst der medienbruchfreie Import der Daten dar. Die Ergebnistabelle muss aus der Word-Datei heraus eingelesen und verarbeitet werden. Ein Eingriff in den aktuellen Workflow wird so vermieden, da der Abgleich sowie die farbliche Markierung in diesem Dokument ebenso manuell durchgeführt werden könnte. Beim Einlesen und Verarbeiten der Daten ist weiterhin von der Software eine Fehlerüberprüfung durchzuführen. Beispielsweise dürfen keine dreistelligen Zahlenwerte auftreten, da diese in der Nomenklatur der Allelbezeichnung nicht vorkommen und somit einen Fehler darstellen.

Darüber hinaus sind nur bestimmte Zeichenkombinationen erlaubt (z.B. mbm, zb, kTe usw.). Die von der Software erkannten Fehler sollen dem Gutachter möglichst detailliert angezeigt werden. Auch diese Softwarelösung darf keine selbstständige Fehlerkorrektur vornehmen.

3.3.2 Verarbeitung und Darstellung der Daten

Nach einer erfolgreichen Fehlerüberprüfung soll sich eine Benutzeroberfläche öffnen, in der die Daten aufbereitet vorliegen. Daraus muss klar erkennbar sein, bei welchen Spuren es sich um Vergleichsmuster handelt und welche Spuren Mischspuren darstellen, in denen nach den Merkmalen der Vergleichsmuster gesucht werden soll. Anschließend soll es möglich sein, den Vergleichsmustern eine Hintergrund- bzw. Textfarbe zuzuweisen. Dabei wird angestrebt, dass das Softwareprodukt den Gutachter darauf hinweist, wenn zwei Vergleichsmustern eine identische Farbkombination zugewiesen wurde. So sollen Verwechslungen vermieden werden. Ebenso muss eine Meldung erfolgen, wenn einem Vergleichsmuster keine Farbkombination zugewiesen wurde. Einen wichtigen Punkt stellen darüber hinaus die verfügbaren Farben dar. Da der Gutachter die fertige Ergebnistabelle in Word jederzeit nachbearbeiten können soll, dürfen in der zu entwickelnden Software nur Farben bzw. Kombinationen aus Hintergrund- und Textfarben verfügbar sein, die auch von Microsoft® Office Word 2003 in der Standardauswahl unterstützt werden.

Bevor der Abgleich der Vergleichsmuster mit den Mischungen durchgeführt wird, müssen die zugrundeliegenden Parameter definiert werden. Dafür wird eine Drop Out-Tabelle, vergleichbar mit der für die Datenbank zur Kontaminationskontrolle (Kapitel 3.1.1), angestrebt. Abhängig von der vorliegenden DNA-Qualität und/oder -Quantität kann es sein, dass nicht alle DNA-Merkmale einer Person in der abzugleichenden Spur reproduzierbar auftreten, die Person jedoch als Mitverursacher der Spur nicht grundsätzlich ausgeschlossen werden kann. Für diesen Fall sollen zuvor vom Gutachter in der Drop Out-Tabelle die Kriterien für den Abgleich festgelegt werden. Abhängig von der Anzahl der untersuchten DNA-Systeme muss definiert werden, wie viele Merkmale einer Person in der Merkmalmischung der Spur fehlen dürfen, diese Person als Mitverursacher dennoch angezeigt und farblich markiert werden soll. Da jedoch keine einheitlichen Richtlinien bzgl. der Anzahl fehlender Allele einer Person in einer Spur vorliegen, muss dieser Bereich flexibel gestaltet werden, sodass eine Anpassung an künftige Empfehlungen jederzeit möglich ist. Tritt bei dem nun gestarteten Abgleich der Fall ein, dass Merkmale eines Vergleichsmusters in der Mischung fehlen, die maximale Anzahl an ausgefallenen Allelen jedoch nicht überschritten wird, soll dies dem Gutachter angezeigt werden. Eine Hinweismeldung, welche Merkmale in welcher Mischung und in welchem DNA-System fehlen, wird angestrebt.

Auch ist es möglich, dass zwei Personen in einem DNA-System das gleiche Merkmal aufweisen. In diesem Fall muss gewährleistet werden, dass das entsprechende Merkmal durch zwei Farben gekennzeichnet wird. Bei zweistelligen Ziffern soll jeweils eine Ziffer in der Farbe des Vergleichsmusters hinterlegt werden. Bei einer einstelligen Ziffer soll die Software ein Zeichen einfügen und dieses mit der des Vergleichsmusters zugehörigen Hintergrund- und Textfarbe versehen, damit dieses zusätzliche Zeichen nicht als solches in der Tabelle erkennbar ist. Weitere Veränderungen bzgl. des Inhalts der Ergebnistabelle darf die Softwarelösung jedoch nicht vornehmen.

Darüber hinaus kann es notwendig sein, in den Abgleich auch Ergebnistabellen bereits erstellter Gutachten einzubeziehen, wenn ein entsprechender Tatzusammenhang vermutet wird. Bei älteren Ergebnistabellen kann es dabei durchaus vorkommen, dass diese aus weniger untersuchten DNA-Systemen bestehen. Auch ein Abgleich mit diesen Ergebnistabellen muss möglich sein. Weiterhin muss der Abgleich mit Ergebnissen aus der Y-chromosomalen Analyse durchführbar sein.

Schlussendlich wird auch bei diesem Softwareprodukt ein variabler und flexibler Aufbau angestrebt, so dass das Tool jederzeit an aktuelle Veränderungen (Kits mit neuen DNA-Systemen) angepasst werden kann. Auch sollen in dieser Software unterschiedliche Rechte für Anwender und Systemadministrator definiert werden können. Eine Dokumentation der ausgeführten Arbeitsschritte mit den eingestellten Parametern muss von der Software ebenfalls automatisch angelegt werden.

4 Ergebnisse: Umsetzung der entwickelten Konzepte

Im Rahmen dieser Arbeit war es möglich, alle im SOLL-Prozesses entwickelten Konzepte umzusetzen. Eine Datenbank zur Kontaminationskontrolle (Kapitel 4.1), eine Software zur automatischen Zusammenfassung der Analyseergebnisse (Kapitel 4.2) sowie ein Softwareprodukt für den Abgleich und die farbliche Markierung (Kapitel 4.3) wurden gemäß den im Rahmen dieser Arbeit definierten Vorgaben programmiert. Die drei Softwarekomponenten werden nachfolgend ausführlich erläutert.

Der Prozess der Gutachtenerstellung in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München beruht grundsätzlich auf der Anwendung von Excel-Sheets sowie der Darstellung des Gutachtens samt Ergebnistabelle in einer Word-Datei. Auf eine komplette Um- bzw. Neustrukturierung dieses Vorganges wurde, auch aus Kostengründen, verzichtet. Das vorliegende Konzept sollte vielmehr erweitert und an definierten Stellen optimiert werden. Mittels EPK in einem Swimlane-Diagramm (detaillierte Notation der EPK, Kapitel 2, Tabelle 1) wurde der im Kapitel 2 aufgeführte IST-Prozess analysiert und eine mögliche Form der Optimierung der Gutachtenerstellung im SOLL-Prozess (Kapitel 3) aufgezeigt. Die Umsetzung des SOLL-Prozesses ist der Abb. 14 zu entnehmen. Dieser unterscheidet sich im Vergleich zum SOLL-Prozess in der Integration aller neuen Softwarekomponenten (Anwendungssysteme). Auch hier sind die Aufgaben des Labors in der ersten, die des Erstgutachters in der zweiten und die des Zweitgutachters in der dritten Spalte abgebildet. Die Zuständigkeiten des Schreibbüros sind wiederum in der vierten und die der Institutsleitung in der letzten Spalte aufgeführt. Die Anwendungssysteme, die im Rahmen dieser Arbeit umgesetzt werden konnten, sind gelb hinterlegt und werden im Folgenden detailliert beschrieben. Zur besseren Veranschaulichung wurde in dieser Darstellung ebenfalls zum Teil auf die Einhaltung der Anordnung „Ereignis - Funktion - Ereignis“ verzichtet.

Des Weiteren sollen im Verlauf dieser Arbeit (Kapitel 5) die entwickelten Softwareprodukte gemäß den in der DIN EN ISO 9241 Teil 11 aufgeführten Parametern Effektivität, Effizienz und Zufriedenheit bewertet und diskutiert werden. Darüber hinaus wird ein Vergleich mit der als Komplettlösung angeworbenen GenoProof® Mixture 2 Software der Firma Qualitype AG durchgeführt.

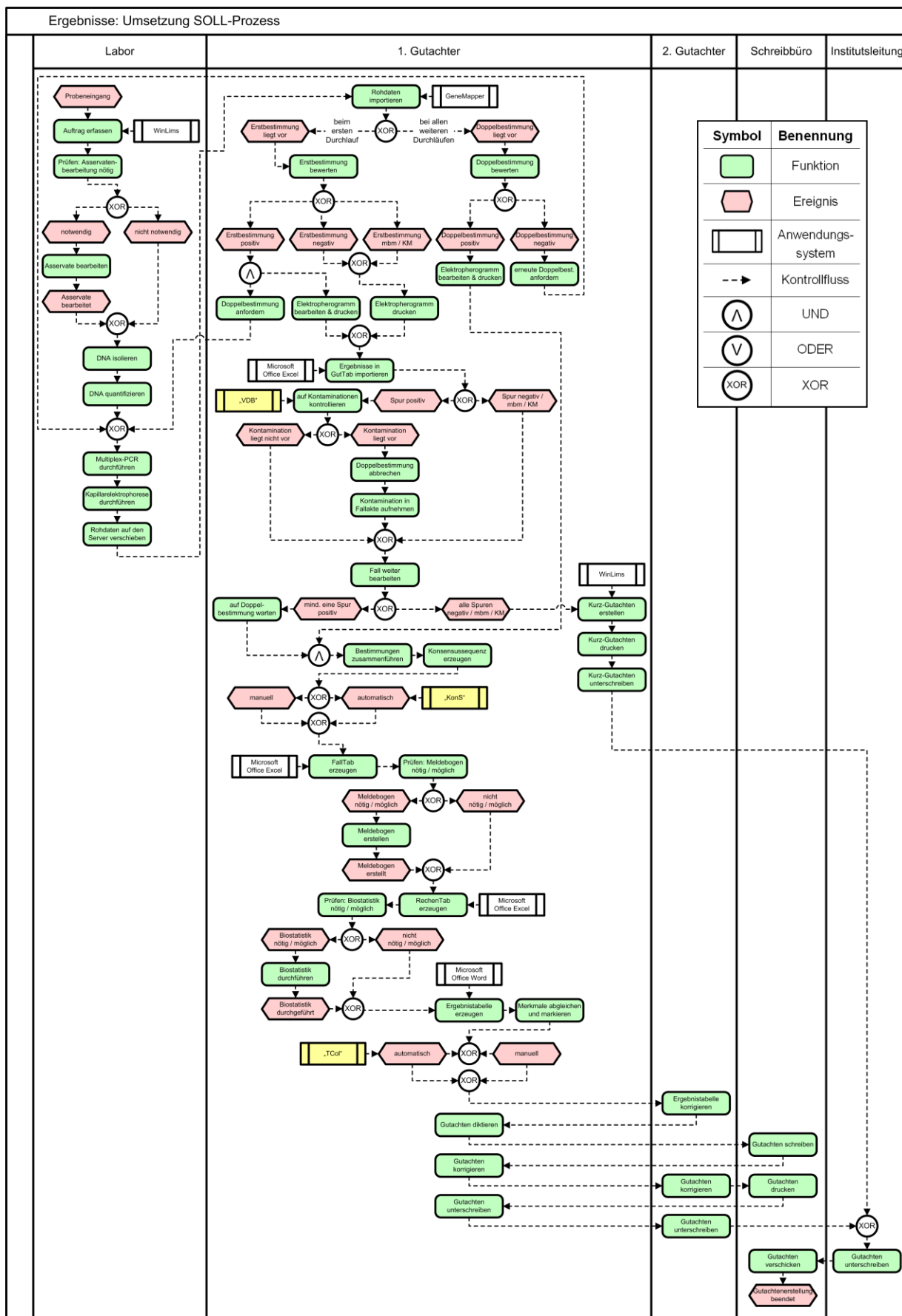


Abb. 14: Darstellung des aktuellen Prozesses
in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München

4.1 Vergleichsdatenbank „VDB“

Bei der Software „VDB“ handelt es sich um eine Vergleichsdatenbank, mit welcher es möglich ist, Mitarbeiter-Spur- und Spur-Spur-Kontaminationen aufzudecken. Im Verlauf der Spurensicherung, beispielsweise bereits am Tatort aber auch bei der Analyse der Spuren im Labor kann es zu Kontaminationen kommen, welche zwingend erkannt werden müssen, um Fehlinterpretationen bei der Gutachtenerstellung zu vermeiden. Nachdem bei den untersuchten Proben die Erstbestimmung durchgeführt wurde, muss eine Kontrolle hinsichtlich möglicher Kontaminationen vorgenommen werden. Dafür werden in der entwickelten „VDB“ zunächst die DNA-Identifizierungsmuster von Mitarbeitern des Instituts für Rechtsmedizin München und den Spurensicherern aber auch von Reinigungskräften und Servicetechnikern auf freiwilliger Basis gespeichert. All diese Personen sind grundsätzlich in der Lage eine Spur zu kontaminieren. Aber auch die DNA-Identifizierungsmuster der im Labor eingesetzten Positivkontrollen werden in der Datenbank hinterlegt. Des Weiteren werden die DNA-Profile der im Labor untersuchten Tatortspuren in der Datenbank gespeichert. Demnach werden Ein-Personen-Spuren (z.B. Blutspur) oder DNA-Identifizierungsmuster von Hauptkomponenten oder Vergleichsspeichelproben in der Datenbank hinterlegt. Diese DNA-Merkmalmuster stammen von Spuren mit einer hohen DNA-Konzentration. Somit kann es bei solchen Proben zu einer Spur-Spur-Kontamination auf eine andere Tatortspur kommen. Eine vergrößerte Darstellung des aktuellen Prozesses kann der Abb. 15 entnommen werden.

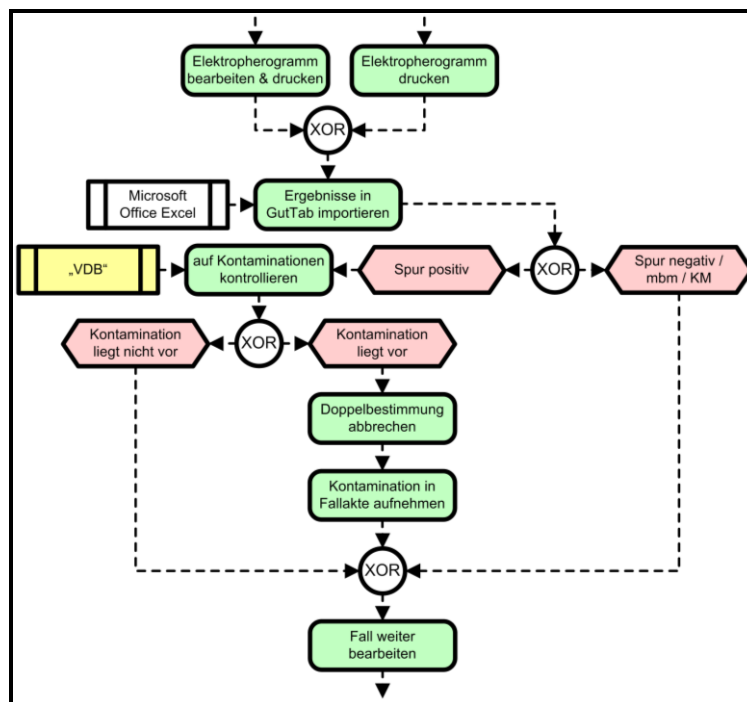


Abb. 15: Ausschnitt Umsetzung SOLL-Prozess - „VDB“

Die entwickelte Vergleichsdatenbank wird zunächst aus der auf Excel basierenden GutTab heraus gestartet (Kapitel 4.1.3.1 „Starten eines Jobs“). Ist bei einer Spur von einer Kontamination auszugehen, muss diese in der GutTab entsprechend gekennzeichnet werden (Kapitel 4.1.3.3 „Markieren von kontaminierten Spuren“). Ebenso wird die im Kapitel 4.1.3.4 beschriebene „Speicherung von Vergleichsmustern und Mitarbeitern“ in der GutTab angestoßen.

Die Darstellung der Ergebnisse des Abgleichs (Kapitel 4.1.3.2 „Überprüfung der untersuchten Tatortspuren“) sowie die weitere Bearbeitung erfolgt in einer eigens programmierten GUI (Graphical User Interface). Weiterhin sind in dieser GUI eine „Treffer Suche“ (Kapitel 4.1.3.5) sowie eine „Datenbank Suche“ (Kapitel 4.1.3.6) möglich. Ebenso steht in der GUI ein Administrationsbereich (Kapitel 4.1.3.7) zur Verfügung.

Die GUI der Vergleichsdatenbank wurde mit der Entwicklungsumgebung Microsoft Visual Studio 2010 in der Programmiersprache Visual Basic geschrieben. Die SQL-Datenbank läuft auf einem Microsoft SQL-Server 2008 R2. Die Programmierung wurde von der Firma dikon Elektronik & IT GmbH durchgeführt. Das Softwareprodukt „VDB“ wurde auf dem im Rahmen dieser Arbeit entwickelten SOLL-Prozesses einschließlich der erarbeiteten Datenstrukturen, Verarbeitungs- und Darstellungsansätze sowie aller beschriebenen Anforderungen programmiert.

4.1.1 Mitarbeiter-Spur-Abgleich

Für einen erfolgreichen Mitarbeiter-Spur-Vergleich müssen zunächst alle Mitarbeiter des Instituts, die eine Spur kontaminieren könnten (bei der Spurensicherung am Tatort bzw. an Asservaten, bei Sektionen und körperlichen Untersuchungen usw.), einen Mundschleimhautabstrich abgeben. Dies betrifft darüber hinaus auch das Reinigungspersonal und Servicetechniker der DNA-Abteilung sowie Polizeibeamte, die die übersandten Spuren sichern. Von allen weiblichen Personen und weiblichen Positivkontrollen wird ein autosomales, von allen männlichen Personen und männlichen Positivkontrollen ein autosomales und Y-chromosomales DNA-Identifizierungsmuster erstellt. Diese DNA-Merkmalmuster werden anschließend in die „VDB“ eingepflegt und bilden die Grundlage der Datenbank. Eine Begrenzung auf maximal 35 Merkmalmuster liegt nicht mehr vor. Weiterhin erfolgt der Abgleich in allen untersuchten übereinstimmenden DNA-Systemen und nicht, wie zuvor, in nur vier definierten Systemen.

4.1.2 Spur-Spur-Abgleich

Die Aufdeckung von Spur-Spur-Kontaminationen in den Laboren der Abteilung Forensische Molekularbiologie stellt einen weiteren wichtigen Punkt dar. Dafür sollen DNA-Identifizierungsmuster von Personen bzw. DNA-Merkmale von Spuren, die von einer Person verursacht wurden oder aus denen eine Hauptkomponente abgeleitet werden konnte, in der Datenbank hinterlegt werden. Dabei handelt es sich um Proben mit einer hohen DNA-Konzentration, weswegen die Möglichkeit besteht, dass diese Spuren andere, nicht mit dem Fall in Zusammenhang stehende Spuren, kontaminieren könnten. Die Merkmale dieser Vergleichsmuster sollen aus diesem Grund mit allen übrigen im Labor untersuchten Tatortspuren abgeglichen werden.

Die einzelnen Fälle werden im Labor nacheinander abgearbeitet, können dann jedoch, beispielsweise je nach Straftat, an unterschiedliche Gutachter zur Auswertung gelangen. Um eine mögliche Spur-Spur-Kontamination überhaupt erkennen zu können, müssen alle Gutachter der Abteilung ihre Spuren zum Abgleich an die Datenbank senden und ihre erstellten Vergleichsmuster in der Datenbank speichern. Darüber hinaus werden die Datensätze, die zum Abgleich an die „VDB“ geschickt werden, für einen frei wählbaren

Bei dem Datensatz mit dem Eintrag 'VM' handelt es sich um ein Vergleichsmuster (Ein-Personen-Spur z.B. Blutspur oder Mundschleimhautabstrich einer Vergleichsperson). Diese Datensätze können langfristig in der „VDB“ gespeichert werden - dies muss jedoch manuell erfolgen. Die Speicherung eines 'VM' ist notwendig, wenn diese Ein-Personen-Spur bzw. Hauptkomponente oder Vergleichsperson von der DNA-Qualität und -Konzentration ausgehend, eine andere Spur kontaminieren könnte. Bei einem Datensatz mit dem Eintrag 'MA' handelt es sich um ein DNA-Identifizierungsmuster eines Mitarbeiters oder das einer Positivkontrolle. Nach Einwilligung des entsprechenden Mitarbeiters kann dessen DNA-Profil langfristig in der „VDB“ gespeichert und für den Abgleich herangezogen werden.

Im Anschluss an die Auswahl der zu überprüfenden Datensätze wird der Gutachter aufgefordert eine Parametereinstellung bezüglich der fehlenden Merkmale vorzunehmen (Abb. 17). Aufgrund mangelnder DNA-Quantität (Minimalspuren) oder -Qualität (z.B. bei Epithelzellspuren) kommt es immer wieder vor, dass nicht alle Merkmale einer Person in der Spur auftreten, die Person jedoch als möglicher Verursacher einer Kontamination in dieser Spur nicht grundsätzlich auszuschließen ist. Die maximale Anzahl an fehlenden Merkmalen bezogen auf die Anzahl der untersuchten DNA-Systeme, bei denen trotzdem noch eine Anzeige erfolgen soll, muss zuvor vom Gutachter bzw. der Untersuchungsstelle festgelegt werden. In der Abb. 17 sind beispielsweise drei fehlende Merkmale bei zwölf und mehr DNA-Systemen zulässig. Finden sich demnach bei den routinemäßig untersuchten 16 autosomalen Systemen maximal drei Allele einer entsprechenden Person in der zu vergleichenden Spur nicht, wird diese Person dennoch als Verursacher einer Kontamination angezeigt. Bei mehr als drei fehlenden Allelen wird die Person als Verursacher einer Kontamination ausgeschlossen. Abhängig davon, wie viele Systeme untersucht wurden bzw. auswertbar waren, können die Einstellungen an die Anzahl der vorliegenden Systeme angepasst werden.

Untergrenze der Systemanzahl	Obergrenze der Systemanzahl	Anzahl der maximal ausgefallenen Merkmale
1	8	2
9	11	3
12	%	3

OK Abbrechen

Abb. 17: Drop Out-Tabelle der „VDB“

Für die Anzeige der daraus resultierenden Ergebnisse ist ab diesem Punkt ein Start der für die Datenbank programmierten GUI erforderlich.

4.1.3.2 Überprüfung der untersuchten Tatortspuren (GUI)

Die GUI der „VDB“ startet mit einer Übersicht aller laufenden Jobs (Abb. 18). Im oberen Bereich der GUI sind verschiedene Reiter verfügbar (Bereich 1: „Laufende Jobs“, „Ergebnisse“, „Details DNA-Systeme“), die nacheinander bei der Bewertung der Treffer vom

Gutachter abgearbeitet werden. Darüber hinaus befinden sich zwei weitere Reiter in dieser Leiste, in der verschiedene Suchabfragen durchgeführt werden können („Treffer Suche“ und „Datenbank Suche“). Auf der rechten Seite der GUI (Bereich 2) sind die Anzeige des aktuellen Benutzers sowie ein Auswahlménü, welches je nach Reiter unterschiedliche Aktionen ermöglicht, dargestellt. Da der Gutachter die Möglichkeit hat mehrere Jobs nacheinander und unabhängig voneinander zu starten, werden diese entsprechend nummeriert und unter dem Reiter „Laufende Jobs“ im Bereich 3 angezeigt. In der Spalte „Status“ ist die letzte ausgeführte Aktivität der einzelnen Datensätze innerhalb eines Jobs ersichtlich. Ändert sich der Status aller Datensätze von „Start“ auf „Abgeschlossen“ kann der Gutachter weiter zum Reiter „Ergebnisse“ wechseln.

JOB NAME	GUTACHER	MERKMALPARAMETER	QUELLE	ART	DNA_NR	MATERIAL	STATUS	DATUM
heyder_2015_0001	jacqueline.heyder	1-8-2-9-11:3:12x3:	123/155Q5	Spur	15-2326a	Weg=12	START	26.03.2015 07:39
heyder_2015_0001	jacqueline.heyder	1-8-2-9-11:3:12x3:	123/155Q5	Spur	15-2326a	Weg=7	START	26.03.2015 07:39
heyder_2015_0001	jacqueline.heyder	1-8-2-9-11:3:12x3:	123/155Q5	VM	15-2578a	Probe2	START	26.03.2015 07:39
heyder_2015_0001	jacqueline.heyder	1-8-2-9-11:3:12x3:	123/155Q5	Spur	15-2326a	Weg=4.1	START	26.03.2015 07:39
heyder_2015_0002	jacqueline.heyder	1-8-2-9-11:3:12x3:	123/155Q5	Spur	15-2324a	Straße=10	START	26.03.2015 07:39

Abb. 18: „VDB“ - Reiter „Laufende Jobs“

Grundsätzlich ist der Benutzer des Computers als Mitarbeiter in der „VDB“ angemeldet. Und auch nur die Jobs dieses Gutachters werden angezeigt. Es ist jedoch auch möglich auf laufende Jobs bzw. dessen Ergebnisse eines anderen Gutachters zuzugreifen.

Im aufgeführten Beispiel (Abb. 18) wurden vier Spuren und ein Vergleichsmuster, aufgeteilt auf zwei Jobs, an die „VDB“ übermittelt. Unter dem Reiter „Ergebnisse“ (Abb. 19) ist für den Gutachter nun erkennbar, wie viele Treffer es in der entsprechenden Kategorie gegeben hat. Folgende Treffer sind möglich (Tabelle 9):

Tabelle 9: Abgleichmöglichkeiten sowie Anzeige der Treffer
im Reiter „Ergebnisse“ in der GUI der „VDB“ (Abb. 19)

Mögliche Treffer	Anzeige der Treffer in der Kategorie
Treffer mit einer Spur bzw. einem Vergleichsmuster innerhalb des gesendeten Jobs (der Abgleich erfolgt nicht innerhalb der gleichen Auftragsnummer; ein Abgleich zwischen zwei Mischungen findet nicht statt)	'JOB'
Treffer mit einer Spur bzw. einem Vergleichsmuster, die/das automatisch im 2-Wochen-Speicher hinterlegt wurde	'JOB'
Treffer mit einem langfristig in der „VDB“ gespeicherten Mitarbeiter	'MA'
Treffer mit einem langfristig in der „VDB“ gespeichert Vergleichsmuster	'VM'

Eine Aktualisierung dieser Anzeige ist über den entsprechenden Button im Auswahlmenü möglich.

	JOB NAME	BESCHREIBUNG	JOB	MA	VM
1	heyder_2015_0001	15-2326a Weg=12(Spur)	0	0	1
2	heyder_2015_0001	15-2326a Weg=7(Spur)	0	0	0
3	heyder_2015_0001	15-2578a Probe2(VM)	1	0	0
4	heyder_2015_0001	15-2326a Weg=4.1(Spur)	0	0	0
5	heyder_2015_0002	15-2324a Straße=10(Spur)	0	0	0

Abb. 19: „VDB“ - Reiter „Ergebnisse“

Die Spuren in den Zeilen 2, 4 und 5 (Abb. 19) weisen in den drei Kategorien 'JOB', 'MA' und 'VM' keinen Treffer auf und zeigen somit, dass keine Kontamination vorliegt. Um als Gutachter kontrollieren zu können, dass diese Datensätze abgearbeitet wurden, werden sie trotz fehlender Treffer angezeigt. Da diese Spuren jedoch nicht weiter betrachtet werden müssen, können sie über den Button „Löschen“ aus dieser Ansicht entfernt werden. Hierbei werden jedoch ausschließlich die Datensätzen gelöscht, bei denen es zu keinem Treffer kam. Demnach werden nur noch Spuren und/oder Vergleichsmuster angezeigt, bei denen es zu einem Treffer in mindestens einer der drei Kategorien gekommen ist und somit eine mögliche Kontamination vorliegen könnte (Abb. 20).

	JOB NAME	BESCHREIBUNG	JOB	MA	VM
1	heyder_2015_0001	15-2326a Weg=12(Spur)	0	0	1
3	heyder_2015_0001	15-2578a Probe2(VM)	1	0	0

Abb. 20: „VDB“ - Reiter „Ergebnisse“ nach dem Löschen

Im aufgeführten Beispiel ist erkennbar, dass es zu einem Treffer zwischen einer aktuell übersandten Spur (15-2326a Weg=12) und einem bereits in der „VDB“ gespeicherten Vergleichsmuster kam (Abb. 20, Anzeige in der Kategorie 'VM'). Weiterhin wurde eine Übereinstimmung zwischen dem aktuell übermittelten Vergleichsmuster (15-2578a Probe2) und einem Datensatz gefunden, der entweder zusammen mit dem Vergleichsmuster übersandt oder im 2-Wochen-Speicher hinterlegt wurde (Abb. 20, Anzeige in der Kategorie 'Job'). Eine weitere Bewertung der Datensätze erfolgt unter dem Reiter „Details DNA-Systeme“ (Abb. 21).

GUTACHTER/DATUM	BESCHREIBUNG	ANZAHL SYSTEME	ÜBERPRÜFTE SYSTEME	AUSGEFALLENE MERKMALE	D3S1358	VWA	FIBRA	TH01	SE3
jacqueline.heyder/Mär 26 2015 7:46AM	15-2326a Weg=12(Spur)	17	16	0	14 / 15 / 16	15 / 18	22 / 25 / 26	7 / 8 / 9 / 9.3	19 /
jacqueline.heyder/Mär 26 2015 7:46AM	15-2578a Probe1(VM)	17			14 / 16	15 / 18	25 / 25	8 / 9.3	19 /
jacqueline.heyder/Mär 26 2015 7:46AM	15-2578a Probe2(VM)	17	16	3	16 / 18	16 / 17	20 / 22	6 / 6	28.2
jacqueline.heyder/Mär 26 2015 7:46AM	15-2324a Straße=10(Spur)	17			14 / 16 / 17 / 18	16 / 17	20 / 22 / 23	6 / 9.3	14 /

Abb. 21: „VDB“ - Reiter „Details DNA-Systeme“

In dieser Ansicht erhält der Gutachter folgende Informationen:

1. Anzahl Systeme: Aus wie vielen untersuchten DNA-Systemen bestehen die Datensätze, bei denen eine Übereinstimmung festgestellt wurde.
2. Überprüfte Systeme: Wie viele DNA-Systeme stimmen bei beiden Datensätzen überein und können demnach für den Abgleich herangezogen werden (der Geschlechtsmarker Amelogenin wird nicht einbezogen, weshalb statt untersuchter 17 Systeme nur 16 verglichen werden).
3. Ausgefallene Merkmale: Wie viele Merkmale des Vergleichsmusters fehlen in der Spur.

Im weiteren Verlauf dieser Ansicht befinden sich alle DNA-Systeme mit den entsprechenden Allelen, sodass eine erste Überprüfung des Treffers durchgeführt werden kann. Der Datensatz, der mit dem aktuellen Job zur Überprüfung an die Datenbank übermittelt wurde, steht immer oben - der Datensatz, der in der „VDB“ bereits gespeichert ist, steht darunter.

Da vom Gutachter mehrere Jobs gestartet werden können, erfolgt die Abarbeitung anhand der vergebenen Job-Nummer. Zu einem Job werden alle Treffer angezeigt, wobei eine Filterung der Treffer nach den Kategorien 'Job', 'MA' und 'VM' möglich ist. Nach erfolgreicher Bewertung der angezeigten Treffer öffnet sich der nächste Job mit den zugehörigen Treffern. Eine manuelle Job-Auswahl kann über das Auswahlmenü getroffen werden.

Zunächst wird der untere der beiden Treffer betrachtet (Abb. 22, blau hinterlegt). Hier finden sich die DNA-Merkmale eines aktuell übersandten Vergleichsmusters (15-2578a Probe2) in einer Spur (15-2324a Straße=10) wieder. Als Voraussetzung für diesen Treffer müssen drei ausgefallene Merkmale angenommen werden. Da die Anzeige dieses Treffers in der Kategorie 'Job' erfolgte (Abb. 20), wurde diese Spur entweder zusammen mit dem Vergleichsmuster an die „VDB“ übermittelt oder die Spur ist im 2-Wochen-Speicher hinterlegt. Wenn die Probe, aus der das Vergleichsmuster resultiert, zeitlich nach der gespeicherten Spur untersucht wurde, ist eine Kontamination der Spur ausgehend vom Vergleichsmuster kaum möglich. Im vorliegenden Beispiel ist jedoch anhand des Datum- und Uhrzeitstempels in der ersten Spalte der Ansicht in Abb. 22 erkennbar, dass das Vergleichsmuster und die Spur zusammen an die „VDB“ übersandt und vermutlich gleichzeitig im Labor bearbeitet wurden. In diesem Fall erfolgt eine Abwägung zwischen den eingestellten Parametern in der Drop Out-Tabelle und der Anzeige der Treffer. Je mehr fehlende Allele zugelassen werden, desto mehr Treffer werden dem Gutachter angezeigt und müssen bewertet werden. Darüber hinaus könnte dieser Treffer statt auf eine Kontamination ebenso auf einen Tatzusammenhang hinweisen. Eine gutachterliche Entscheidung kann demnach erst nach Betrachtung aller Analyseergebnisse und Auftragsdaten getroffen werden. In dem hier dargestellten Fall wird der Treffer nicht als Kontamination gewertet. Demnach können die entsprechenden Zeilen markiert und mit einem Klick auf den Button „Keine Kontamination“ (Abb. 22, rot umrandet) aus dieser Ansicht entfernt werden. Bei mehreren Treffern dieser Art können die Datensätze gemeinsam markiert werden.

GUTACHTER/DATUM	BESCHREIBUNG	ANZAHL SYSTEME	ÜBERPRÜFTE SYSTEME	AUSGEFALLENE MERKMALE	D3S1358	VWA	FIBRA	TH01	SE3
jacqueline.heyder/Mär 26 2015 7:46AM	15-2326a Weg=12(Spur)	17	16	0	14 / 15 / 16	15 / 18	22 / 25 / 26	7 / 8 / 9 / 9.3	19 /
jacqueline.heyder/Mär 26 2015 7:46AM	15-2578a Probe1(VM)	17			14 / 16	15 / 18	25 / 25	8 / 9.3	19 /
jacqueline.heyder/Mär 26 2015 7:46AM	15-2578a Probe2(VM)	17	16	3	16 / 18	16 / 17	20 / 22	6 / 6	28.2
jacqueline.heyder/Mär 26 2015 7:46AM	15-2324a Straße=10(Spur)	17			14 / 16 / 17 / 18	16 / 17	20 / 22 / 23	6 / 9.3	14 /

Abb. 22: „VDB“ - Reiter „Details DNA-Systeme“ - Keine Kontamination

Die Ansicht unter dem Reiter „Details DNA-Systeme“ stellt sich anschließend, wie in Abb. 23 gezeigt, dar.

GUTACHTER/DATUM	BESCHREIBUNG	ANZAHL SYSTEME	ÜBERPRÜFTE SYSTEME	AUSGEFALLENE MERKMALE	D3S1358	VWA	FIBRA	TH01	SE3
jacqueline.heyder/Mär 26 2015 7:46AM	15-2326a Weg=12(Spur)	17	16	0	14 / 15 / 16	15 / 18	22 / 25 / 26	7 / 8 / 9 / 9.3	19 / 28.2 /
jacqueline.heyder/Mär 26 2015 7:46AM	15-2578a Probe1(VM)	17			14 / 16	15 / 18	25 / 25	8 / 9.3	19 / 28.2

Abb. 23: „VDB“ - Reiter „Details DNA-Systeme“ - Kontamination

Der noch vorliegende Treffer besteht aus einer zur Überprüfung übersandten Spur (15-2326a Weg=12) und einem Vergleichsmuster (15-2578a Probe1), dessen DNA-Merkmale sich vollständig in der Spur wiederfinden (ausgefallene Merkmale 0). Hierbei handelt es sich um einen Treffer innerhalb der Kategorie 'VM' (Abb. 20). Demnach wurde das Vergleichsmuster bereits in der „VDB“ gespeichert. Handelt es sich tatsächlich um eine Kontamination, müssen die Datensätze markiert und der Button „Kontamination“ angeklickt werden. Anschließend wird dieser Treffer gespeichert und aus der Ansicht entfernt. Der entsprechende Job ist damit abgeschlossen. Der als „Kontamination“ gespeicherte Treffer kann mittels Copy-Paste-Funktion in eine Word-Datei übernommen, zusätzlich ausgedruckt und dem Fall beigelegt werden. Um entsprechende Gegenmaßnahmen einleiten zu können, sollte überprüft werden, wie es zu dieser Kontamination kommen konnte.

In welcher Reihenfolge die Abarbeitung erfolgt, bleibt dem Gutachter überlassen. Jedoch muss jeder Treffer als „Kontamination“ oder „Keine Kontamination“ gekennzeichnet werden. Wurde diese Einteilung für alle Treffer vorgenommen, gilt der Job als abgeschlossen und eine entsprechende Messagebox erscheint.

4.1.3.3 Markieren von kontaminierten Spuren (Excel)

Nachdem in der „VDB“ eine Kontamination festgestellt wurde, muss diese zurück an die GutTab übermittelt werden. Dafür muss der Button „Kontaminationen“ in der GutTab betätigt werden (Abb. 24, rot umrandet, oben). Die „VDB“ sucht auf der Grundlage der zuvor eingetragenen Job-ID (Abb. 24, erste weiße Spalte) die entsprechende Zeile bzw. Spur und trägt die Abkürzung „KONT“ in der hellblauen Spalte ein. Weitere Informationen zu diesem Treffer können in der GUI unter dem Reiter „Treffer Suche“ eingesehen werden (Kapitel 4.1.3.5).

Ergebnisse: Umsetzung der entwickelten Konzepte

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1	OK	05-2	Verz: 05-2	Gutachtertabelle: GutTab												
2	0	Zeilen mark.	Zeile leeren	Zeile löschen	Zeilen einfügen	Senden	Prüfen	Kontaminationen	Speichern							
3	GT EIN									1			2			
4		Art		DNA-Material		SpeichJobID	Datum		D3S1358		VWA					
5																
1215	123/15SQ5	KonS	15-2324a	Straße=1					16	zb			16	(17)	18	
1216	123/15SQ5	KonS	15-2324a	Straße=5					14+15+1	17	18	zb	16+(17)	18	(19)	
1217	123/15SQ5	KonS	15-2324a	Straße=6					(14)+(15)	16	(17)	18	16+(17)	(18)	19	
1218	123/15SQ5	KonS	15-2324a	Straße=7					(14)	15	(17)	zb	15+(16)	(18)	(20)	
1219	123/15SQ5	KonS	15-2324a	Straße=8					15	(16)	zb		15	16	(18)	
1220	123/15SQ5	Spur	15-2324a	Straße=10			37-49CA-9F05-83	30.03.2015 14:06	14+(16)	(17)	18	zb	16	17	zb	
1221	123/15SQ5	Spur	15-2326a	Weg=4.1			83-4D99-BFDD-6	30.03.2015 14:06	15	16	(17)	zb	14+(16)	(17)	(18)	
1222	123/15SQ5	KonS	15-2326a	Weg=6			DA-430E-967A-2	30.03.2015 14:06	15	16			14	16	zb	
1223	123/15SQ5	Spur	15-2326a	Weg=7			DE-4B83-B048-4	30.03.2015 14:06	15	16	(18)		14	16	zb	
1224	123/15SQ5	KonS	15-2326a	Weg=8			58-4127-88BC-B	30.03.2015 14:06	15	16	(18)		14+16	(17)	(19)	
1225	123/15SQ5	Spur	15-2326a	Weg=9			43-45F0-9408-AE	30.03.2015 14:06	15	16	zb		14	16	18	
1226	123/15SQ5	Spur	15-2326a	Weg=11			CE-4305-B26E-5	30.03.2015 14:06	(16)	17	18		17	18		
1227	123/15SQ5	Spur	KONT 15-2326a	Weg=12			6-4C8E-8D5E-5C	30.03.2015 14:06	14	15	16	zb	(15)	18	zb	
1228	123/15SQ5	VM	15-2277a	Probe1			F0-406A-8C8C-A	30.03.2015 14:06	14	16			15	18		
1229	123/15SQ5	VM	15-2578a	Probe2			27-4FB7-BCFC-A	30.03.2015 14:06	16	18			16	17		
1230	143/15SQ5BAY	MA	15-2918a	Mitarbeiter1					15	16			16	17		
1231	143/15SQ5BAY	MA	15-2921a	Mitarbeiter2					17	18			18	18		

Abb. 24: GutTab - Kontamination eintragen

4.1.3.4 Speicherung von Vergleichsmustern und Mitarbeitern (Excel)

Um Kontaminationen durch Vergleichsmuster und Mitarbeiter erkennen zu können, müssen diese DNA-Identifizierungsmuster in der „VDB“ gespeichert werden. Dies erfolgt, indem der Datensatz in der GutTab zeilenweise markiert und anschließend der Button „Speichern“ angewählt wird (Abb. 25, rot umrandet). Liegt das Muster noch nicht in der „VDB“ vor, wird die Speicherung bestätigt. Wurde das Muster bereits in der „VDB“ hinterlegt, wird dies dem Gutachter angezeigt und der ausgewählte Datensatz nicht erneut gespeichert.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1	OK	05-2	Verz: 05-2			Gutachtertabelle: GutTab										
2	0		Zeile	Zeile	Zeilen	Gutachtertabelle: GutTab V05-2_H5Y_00										

Abb. 25: GutTab - Speicherung von Vergleichsmustern und Mitarbeitern

Bei der Speicherung von Vergleichsmustern muss in der Spalte Art (Abb. 25, zweite Spalte, hellgrün) die Abkürzung 'VM' stehen. Bei Mitarbeitern muss in dieser Spalte die Abkürzung 'MA' hinterlegt sein. Dadurch erfolgt in der „VDB“ eine eindeutige Zuordnung des Datensatzes in die Kategorie der Vergleichs- bzw. Mitarbeitermuster. Die Speicherung erfolgt somit gemäß den in der Tabelle 5 (Kapitel 3.1.1) dargestellten geplanten Speichervorgängen.

Darüber hinaus werden von der „VDB“ inhaltliche Fehler in der GutTab erkannt und mit dem Hinweis, in welchem DNA-System der Fehler vorliegt, angezeigt. Dazu gehören unter Anderem nicht definierte Zeichen, OL-Allele und dreistellige Merkmale. Eine Korrektur dieser

Fehler ist ausschließlich manuell durch den Gutachter möglich - die Software selbst nimmt zu keinem Zeitpunkt eine eigenständige Fehlerkorrektur vor. Nach erfolgter Änderung durch den Gutachter kann der Vorgang wiederholt werden.

4.1.3.5 Treffer Suche (GUI)

Weiterhin steht in der GUI der „VDB“ der Reiter „Treffer Suche“ (Abb. 26) zur Verfügung. Hier können für den jeweiligen Gutachter alle bestätigten Kontaminationen, sortiert nach der Job-Nummer, abgerufen werden. Eine zeitliche Eingrenzung kann ebenfalls vorgenommen werden. In dieser Ansicht ist es darüber hinaus möglich, eine fälschlicherweise eingetragene Kontamination zu korrigieren und diese als „Keine Kontamination“ zu kennzeichnen.

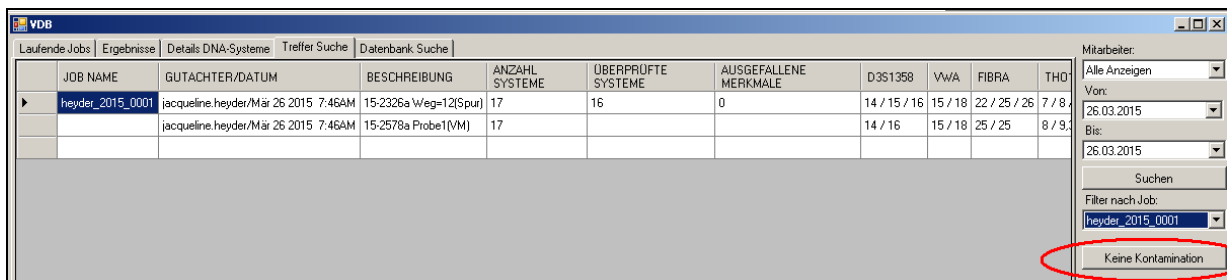


Abb. 26: „VDB“ - Reiter „Treffer Suche“

4.1.3.6 Datenbank Suche (GUI)

In dem Reiter „Datenbank Suche“ können alle in der Datenbank gespeicherten Datensätze betrachtet werden (Abb. 27). Grundsätzlich werden die Datensätze von allen Gutachtern angezeigt. Mithilfe des Auswahlmenüs können jedoch auch die Datensätze betrachtet werden, die ein bestimmter Gutachter zur Überprüfung oder Speicherung an die Datenbank übermittelt hat. Über das Auswahlmenü kann weiterhin zwischen den Kategorien 'JOB', 'MA' und 'VM' unterschieden werden.

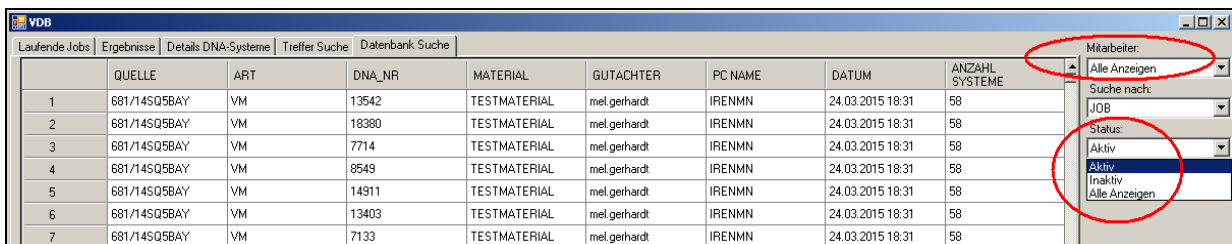


Abb. 27: „VDB“ - Reiter „Datenbank Suche“ - Kategorie 'JOB'

Unter der Auswahl 'JOB' werden alle Datensätze angezeigt, die zur Prüfung an die „VDB“ übermittelt wurden. Sind die Datensätze älter als 2 Wochen, werden sie automatisch inaktiviert, jedoch nicht gelöscht. Die Auflistung der aktiven und inaktiven Datensätze kann über das Auswahlmenü angewählt werden. So kann jederzeit überprüft werden, welche Datensätze zu welchem Zeitpunkt für den Abgleich herangezogen wurden.

Bei Auswahl der Kategorie 'VM' werden alle gespeicherten Vergleichsmuster angezeigt (Abb. 28). Soll ein Vergleichsmuster inaktiviert werden, kann das entsprechende Häkchen entfernt werden. Dies ist notwendig, wenn das Vergleichsmuster mit einem Mitarbeiter übereinstimmt, dieser aber in der Kategorie 'MA' hinterlegt werden soll. Nach dem Entfernen des Häkchens

erscheint ein Pop-up-Fenster mit der Aufforderung, den Grund für die Inaktivierung einzutragen. Dieser Kommentar zur Inaktivierung, das Datum der letzten Änderung sowie der angemeldete Gutachter werden in den nachfolgenden Spalten gespeichert, sodass jede Aktion nachvollziehbar dokumentiert wird. Eine erneute Aktivierung des Datensatzes ist möglich. Ebenso können Mitarbeiter inaktiviert werden, wenn diese seit längerer Zeit nicht mehr im Institut tätig sind und somit als mögliche Verursacher einer Kontamination ausscheiden.

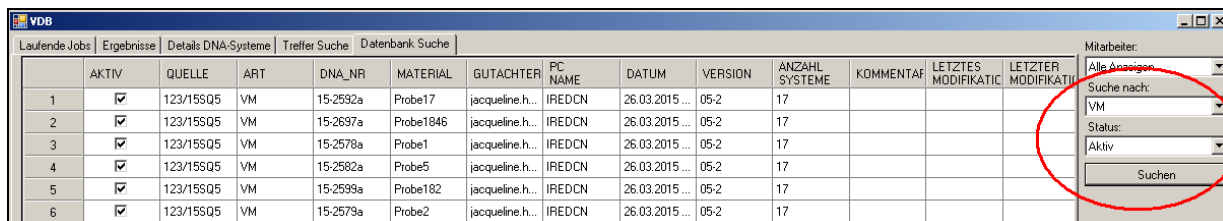


Abb. 28: „VDB“ - Reiter „Datenbank Suche“ - Kategorie 'VM'

4.1.3.7 Administrationsbereich (GUI)

Ist ein Benutzer als Administrator angemeldet, erscheint in der GUI der „VDB“ ein entsprechender Button (Abb. 29, rot umrandet), wodurch der Benutzer auf den Administrationsbereich zugreifen und unterschiedliche Einstellung vornehmen kann.

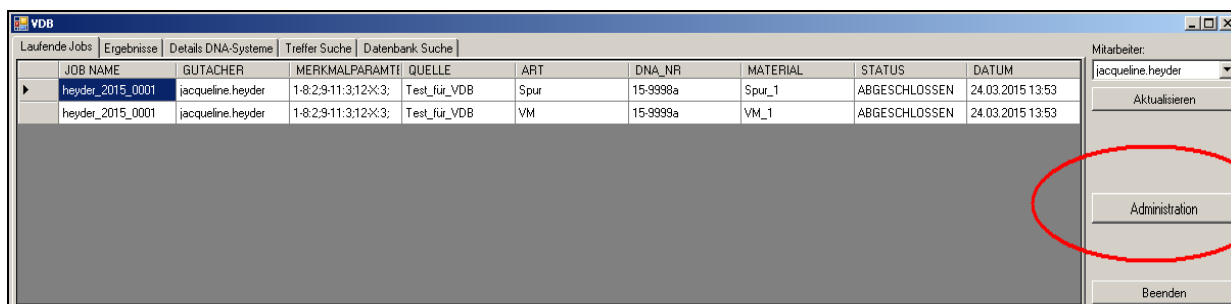


Abb. 29: „VDB“ - Button „Administration“

In dem sich nun öffnenden Fenster (Abb. 30) hat der Systemadministrator die Möglichkeit, neue DNA-Systeme hinzuzufügen oder bestehende Systeme zu inaktivieren. Weiterhin können die in der Abb. 30 aufgeführten Parameter verändert werden, wie z.B. die Änderung der Standardwerte für die Drop Out-Tabelle (Abb. 17, Kapitel 4.1.3.1) oder das Anlegen neuer Anwender für die Nutzung der Datenbank.

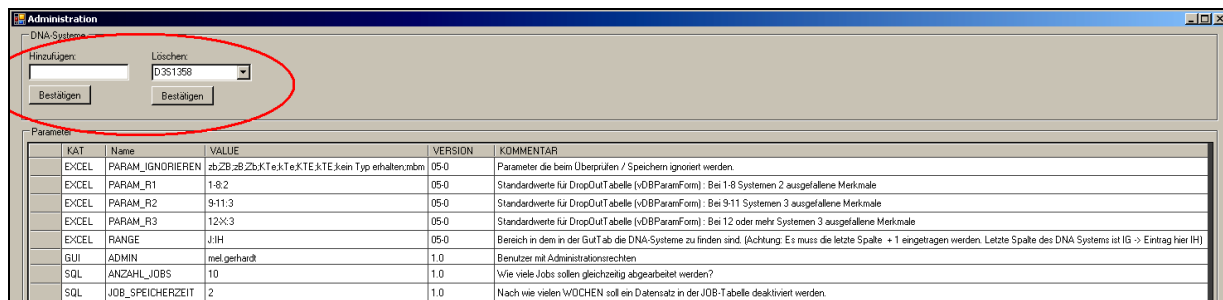


Abb. 30: „VDB“ - Administrationsbereich

4.1.4 Validierung der „VDB“

Bevor die Datenbank in die Routine übernommen werden konnte, wurde im Rahmen dieser Arbeit eine Validierung des Softwareprodukts, wie nach der für Prüf- und Kalibrierlaboratorien gültigen DIN EN ISO (Deutsches Institut für Normung, Europäische Norm, International Organization for Standardization) 17025 gefordert, durchgeführt. Dafür wurde in der „VDB“ eine Mischung als 'Spur' mit 16 autosomalen Systemen gespeichert und die jeweils an den Testfall angepassten Vergleichsmuster an die Datenbank übersandt. Mithilfe dieser verschiedenen Anwendungsfälle („Use Case“) wurden anschließend Grenzwertbetrachtungen durchgeführt (Tabelle 10).

Tabelle 10: Validierung der „VDB“ mit Grenzwertbetrachtungen

VM	homo-zygot	hetero-zygot	vollst.	partiell	Fehler	Anzahl der Ausfälle								
						0	1	2	14	15	16	30	31	32
1	x		x			x								
2	x		x				x							
3	x		x					x						
4	x		x						x					
5	x		x							x				
6	x		x								x			
7	x		x		x									
8	x			x		x								
9	x			x			x							
10	x			x				x						
11	x			x					x					
12	x			x						x				
13	x			x							---			
14	x			x	x									
15		x	x			x								
16		x	x				x							
17		x	x					x						
18		x	x									x		
19		x	x										x	
20		x	x											x
21		x	x		x									
22		x		x		x								
23		x		x			x							
24		x		x				x						
25		x		x								x		
26		x		x									x	
27		x		x										---
28		x		x	x									

Zunächst wurde ein aus 16 Systemen bestehendes Vergleichsmuster erstellt. Dieses wies in allen Systemen einen homozygoten Genotyp auf (z.B. 16/16 im System D3S1338, 15/15 im System vWA usw.). Weiterhin erfolgte eine Anpassung des Vergleichsmusters dahingehend, dass alle Merkmale in der Spur vorhanden waren, woraus sich ein Treffer mit null ausgefallenen Merkmalen ergab (Tabelle 10, Zeile 1). In einem weiteren „Use Case“ wurden ein bzw. zwei Merkmale verändert, weshalb es zu einem Treffer mit der gespeicherten Spur mit einem bzw. zwei ausgefallenen Merkmalen kam (Zeile 2 und 3). Anschließend erfolgte eine Änderung des Vergleichsmusters in 14, 15 bzw. allen 16 Systemen, woraus ein Treffer mit 14, 15 bzw. 16 Ausfällen resultierte (Zeile 4 bis 6). Eine Anzeige dieser Treffer ist jedoch nur nach einer entsprechenden Einstellung in der Drop Out-Tabelle möglich (Abb. 17).

Bei einer Einstellung von maximal drei ausgefallenen Merkmalen, würde unter Standardbedingungen kein Treffer angezeigt werden. Die „VDB“ lieferte für alle der in Tabelle 10 aufgeführten Grenzwertbetrachtungen korrekte Ergebnisse. Für die Überprüfung eines partiellen homozygoten Vergleichsmusters wurde der „Use Case“ so verändert, dass in nur 15 der untersuchten 16 Systeme Ergebnisse vorlagen. Es erfolgte ein Test mit keinem, einem, zwei, 14 bzw. 15 ausgefallenen Merkmalen (Zeile 8 bis 12). Ein „Use Case“ mit 16 ausgefallenen Merkmalen bei einem in 15 Systemen dargestellten homozygoten Vergleichsmuster war somit nicht möglich (Zeile 13). Die Datenbank lieferte auch für diese Anwendungsfälle die richtigen Ergebnisse.

Des Weiteren wurden fehlerhafte vollständige und partielle homozygote Vergleichsmuster erzeugt (Zeile 7 und 14). In diesen Datensätzen fanden sich beispielsweise OL-Allele, unzulässige Zeichen oder dreistellige Merkmale, die alle von der „VDB“ erkannt und dem Anwender mit dem Hinweis auf das fehlerhafte System gemeldet wurden.

Im Anschluss daran erfolgte die Überprüfung eines in 16 Systemen heterozygoten Vergleichsmusters (z.B. 13/14 im System D3S1338, 17/18 im System vWA usw.). Demnach mussten für eine vollständige Übereinstimmung alle 32 Merkmale des Vergleichsmusters in der gespeicherten Spur auftreten (Zeile 15). Anschließend erfolgte auch bei diesem Vergleichsmuster eine Bearbeitung dahingehend, dass es in der Datenbank zu einem Treffer mit einem, zwei, 30 bzw. 31 Ausfällen kam (Zeile 16 bis 19). Abschließend wurde das Vergleichsmuster so verändert, dass kein Merkmal in der Spur auftrat und somit 32 Ausfälle vorlagen (Zeile 20).

Weiterhin erfolgte die Überprüfung eines partiellen heterozygoten Vergleichsmusters. Bei einem solchen Vergleichsmuster könnte beispielsweise in einem der 16 Systeme eines der beiden Merkmale als fraglich angegeben werden - dies kann mit einem Fragezeichen dargestellt und im System z.B. mit „21/?“ hinterlegt sein. Somit standen für dieses Vergleichsmuster nur 31 Merkmale zum Abgleich zur Verfügung, was von der Datenbank erkannt werden musste. Auch hier wurden null, ein, zwei, 30 bzw. 31 Ausfälle erfolgreich getestet (Zeile 22 bis 26). Eine Überprüfung mit 32 ausgefallenen Merkmalen war nicht möglich (Zeile 27). Auch für vollständige bzw. partielle heterozygote Vergleichsmuster wurden fehlerhafte Datensätze angelegt, die ebenfalls von der Datenbank erkannt und dem Anwender korrekt angezeigt wurden (Zeile 21 und 28).

Die verschiedenen Testläufe erfolgten sowohl im Langzeit- als auch im 2-Wochen-Speicher. Auch wurde nach dem oben aufgeführten Schema überprüft, ob es zu Treffern zwischen Vergleichsmustern und Mitarbeitern kommt. Des Weiteren erfolgte, analog zu den in Tabelle 10 aufgeführten Testfällen, eine Kontrolle dahingehend, ob Y-chromosomale Datensätze ebenfalls korrekt verarbeitet werden. Mithilfe der beschriebenen Validierung konnten somit alle möglichen Anwendungsfälle hinsichtlich vollständiger bzw. partieller, homozygoter bzw. heterozygoter sowie autosomaler bzw. Y-chromosomaler Spuren bzw. Vergleichsmuster/Mitarbeiter validiert werden. Ebenso musste der Administratorbereich getestet werden. Hierfür wurden neue DNA-Systeme eingepflegt bzw. bestehende Systeme inaktiviert und überprüft, ob die Datenbank diese neuen Einstellungen anschließend korrekt verarbeitet. Auch hier konnten exakte Ergebnisse erzielt werden. Nach erfolgreicher Validierung wurde die „VDB“ in den Routinebetrieb übernommen.

4.2 KonsensusSequenz „KonS“

Nach der Durchführung einer unabhängigen Doppelbestimmung aller positiv getesteten Spuren, müssen die Ergebnisse beider Analysen in einer Ergebnistabelle zusammengefasst werden. Mithilfe der Software „KonS“ (KonsensusSequenz) kann eine Auswertung der DNA-Profile einer Spur aus mehreren Bestimmungen, unabhängig vom genutzten Kit, automatisiert erfolgen. Die Softwarelösung bietet hierbei die Möglichkeit, die Analyseergebnisse nach dem Konsensus- und dem Composite-Ansatz zu erzeugen [Heyder et al., 2015]. Eine vergrößerte Darstellung des aktuellen Prozesses bezogen auf das Softwareprodukt „KonS“ ist in der Abb. 31 dargestellt.

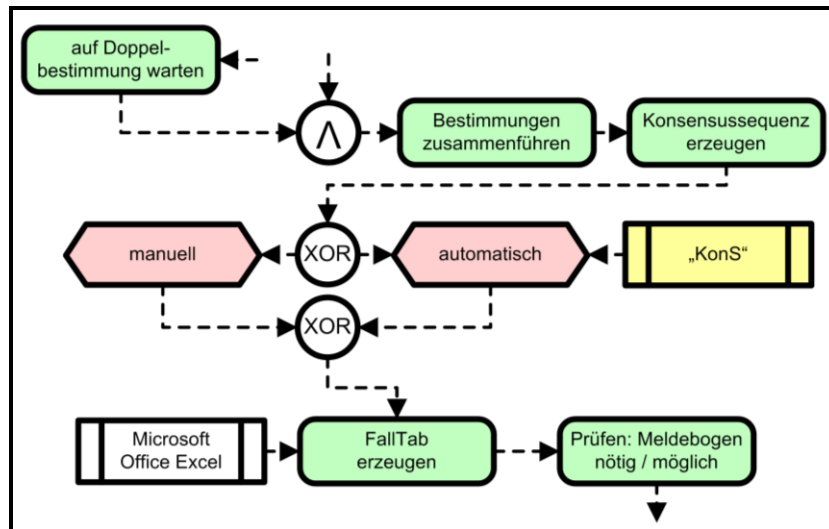
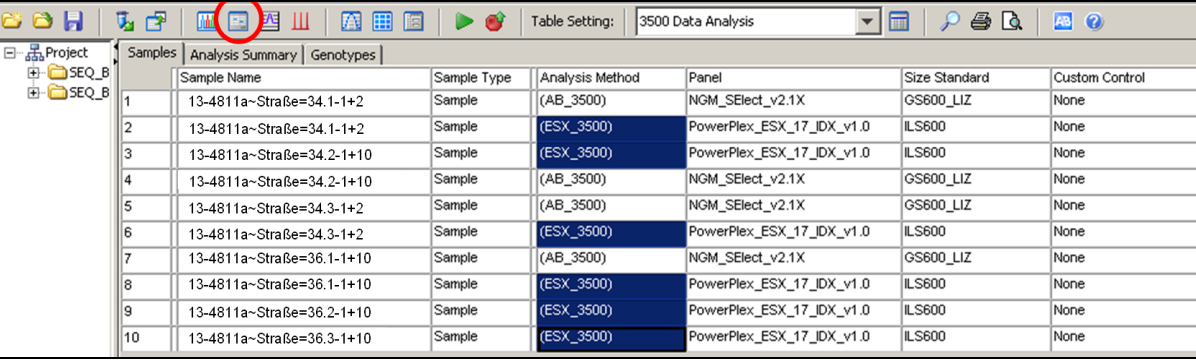


Abb. 31: Ausschnitt Umsetzung SOLL-Prozess - „KonS“

Das Softwareprodukt „KonS“ wurde mit der Entwicklungsumgebung Microsoft Visual Basic 2010 in der Programmiersprache Visual Basic geschrieben. Die Programmierung erfolgte im Rahmen einer Kooperation mit der Universität der Bundeswehr München. Die Software „KonS“ wurde anhand des im Rahmen dieser Arbeit entwickelten SOLL-Prozesses programmiert. Dabei wurden die im Kapitel 3.2 erarbeiteten Anforderungsbeschreibungen zugrunde gelegt. Ausgehend von der im txt-Format vorliegenden Reportdateien aus der Analysesoftware GeneMapper® ID-X werden die Ergebnisse automatisiert gemäß des Konsensus- bzw. Composite-Ansatzes erzeugt und abschließend in einer Excel-Datei ausgegeben.

4.2.1 Datenvorbereitung für „KonS“

Um die Software „KonS“ für die automatisierte Erstellung von Ergebnistabellen nutzen zu können, benötigt die Software eine genau definierte Reportdatei aus der Analysesoftware GeneMapper®. Diese wird erzeugt, indem im GeneMapper® zunächst ein neues Projekt angelegt wird, in das ausschließlich die Bestimmungen der Spuren des zu bearbeitenden Falles importiert werden (Erst- und Zweit-, wenn vorhanden, auch weitere Bestimmungen; Abb. 32).



Sample	Sample Name	Sample Type	Analysis Method	Panel	Size Standard	Custom Control
1	13-4811a~Straße=34.1-1+2	Sample	(AB_3500)	NGM_Select_v2.1X	GS600_LIZ	None
2	13-4811a~Straße=34.1-1+2	Sample	(ESX_3500)	PowerPlex_ESX_17_IDX_v1.0	ILS600	None
3	13-4811a~Straße=34.2-1+10	Sample	(ESX_3500)	PowerPlex_ESX_17_IDX_v1.0	ILS600	None
4	13-4811a~Straße=34.2-1+10	Sample	(AB_3500)	NGM_Select_v2.1X	GS600_LIZ	None
5	13-4811a~Straße=34.3-1+2	Sample	(AB_3500)	NGM_Select_v2.1X	GS600_LIZ	None
6	13-4811a~Straße=34.3-1+2	Sample	(ESX_3500)	PowerPlex_ESX_17_IDX_v1.0	ILS600	None
7	13-4811a~Straße=36.1-1+10	Sample	(AB_3500)	NGM_Select_v2.1X	GS600_LIZ	None
8	13-4811a~Straße=36.1-1+10	Sample	(ESX_3500)	PowerPlex_ESX_17_IDX_v1.0	ILS600	None
9	13-4811a~Straße=36.2-1+10	Sample	(ESX_3500)	PowerPlex_ESX_17_IDX_v1.0	ILS600	None
10	13-4811a~Straße=36.3-1+10	Sample	(ESX_3500)	PowerPlex_ESX_17_IDX_v1.0	ILS600	None

Abb. 32: Neu angelegtes, fallspezifisches Projekt im GeneMapper®
mit allen dem Fall zugehörigen untersuchten Spuren

Spuren, die in der Erstbestimmung beispielsweise aufgrund ihrer geringen DNA-Menge und/oder starker Degradation der DNA aussortiert wurden, können ebenfalls in das neu angelegte Projekt im GeneMapper® aufgenommen werden. Um aus den vorliegenden Daten eine Reportdatei zu erzeugen, müssen alle Spuren markiert und über den Button „Report Manager“ (Abb. 32, rot umrandet) überführt werden. Da „KonS“ ein definiertes Format der Reportdatei erwartet, wurde ein entsprechendes Tabellenformat (Tabelle 11) mithilfe des „Report Settings Editor“ (GeneMapper® ID-X Manager - Report Settings) eingestellt und hinterlegt.

Tabelle 11: Aufbau der Reportdatei im GeneMapper®

Spalte	Inhalt	Spalte	Inhalt
A	„Sample File“	N	„Height 4“
B	„Panel“	O	„Allele 5“
C	„Run Name“	P	„Height 5“
D	„Run Date & Time“	Q	„Allele 6“
E	„Sample ID“	R	„Height 6“
F	„Marker“	S	„Allele 7“
G	„Allele 1“	T	„Height 7“
H	„Height 1“	U	„Allele 8“
I	„Allele 2“	V	„Height 8“
J	„Height 2“	W	„Allele 9“
K	„Allele 3“	X	„Height 9“
L	„Height 3“	Y	„Allele 10“
M	„Allele 4“	Z	„Height 10“

Über die Spalte A „Sample File“ (Tabelle 11) erfolgt die eindeutige Zuordnung der Erstbestimmung einer Spur zu dessen Zweitbestimmung, da beide „Sample Files“ identisch sind. Aus der Spalte B „Panel“ erhält „KonS“ die Information, mit welchem Kit die entsprechende DNA-Analyse durchgeführt wurde. Als zusätzliche Information für den Gutachter wird ebenfalls der Lauf, auf dem die untersuchte Spur zu finden ist, in der Spalte C „Run Name“ hinterlegt. Mithilfe der Information „Run Date & Time“ (Spalte D) erstellt die Software „KonS“ eine zeitlich chronologische Reihenfolge aller Bestimmungen einer Spur. Darüber hinaus wird die „Sample ID“ (Spalte E) gespeichert, die ebenfalls eine eindeutige


Zuordnung der Spur ermöglicht. In den nachfolgenden Spalten F bis Z werden die untersuchten DNA-Systeme („Marker“) und anschließend bis zu zehn Allele pro DNA-System sowie deren Peakhöhen („Height“) hinterlegt. Bei mehr als zehn Allelwerten pro DNA-System sollte vom Gutachter überprüft werden, ob die Spur beispielsweise aufgrund der großen Anzahl an Spurenverursachern, einen sinnvollen Abgleich mit Vergleichspersonen inklusive biostatistischer Beurteilung erlaubt. Ggf. liegt die DNA auch in stark degradiertem Zustand vor und lässt kein reproduzierbares DNA-Profil erwarten. Jedoch gibt die Softwarelösung ab zehn Allelen pro DNA-System eine Meldung aus. Mit dem Hinweis, in welcher Spur und welchem DNA-System zehn Allelwerte auftraten, kann der Gutachter, falls erforderlich, die vom „KonS“ erzeugten Ergebnisse manuell weiterbearbeiten. Die erzeugte Reportdatei wird anschließend exportiert und vom GeneMapper® im txt-Format gespeichert.

4.2.2 Funktionalität von „KonS“

Im Anschluss an die Erstellung der Reportdatei wird vom Gutachter, unabhängig vom GeneMapper® sowie des weiteren Workflows, die Softwarelösung „KonS“ geöffnet und die entsprechende Datei importiert. Liegt das Format der Reportdatei nicht korrekt vor (Einhaltung der Spalteninhalte und -reihenfolge, Tabelle 11), wird dies von der Software erkannt und gemeldet. Darüber hinaus führt die Anwendung eine inhaltliche Fehlerüberprüfung durch, bei der beispielsweise OL-Allele erkannt und gemeldet werden.

Festgestellte Fehler müssen vom Gutachter bearbeitet und eine inhaltlich korrekte Version der Reportdatei erstellt werden - die Softwarelösung „KonS“ führt keine selbstständige Fehlerkorrektur durch.

Nach einer erfolgreichen Fehlerüberprüfung öffnet sich die Benutzeroberfläche von „KonS“ (Abb. 33), in dem alle importierten Bestimmungen angezeigt werden.



Checkbox	Sample ID	Marker	Kit
<input checked="" type="checkbox"/>	13-4811a-Straße=34.1	SEQ_BAY13-0274_SQ5	ESX
<input checked="" type="checkbox"/>	13-4811a-Straße=34.1	SEQ_BAY13-0277_SQ5	NGM
<input checked="" type="checkbox"/>	13-4811a-Straße=34.2	SEQ_BAY13-0274_SQ5	ESX
<input checked="" type="checkbox"/>	13-4811a-Straße=34.2	SEQ_BAY13-0277_SQ5	NGM
<input checked="" type="checkbox"/>	13-4811a-Straße=34.3	SEQ_BAY13-0274_SQ5	ESX
<input checked="" type="checkbox"/>	13-4811a-Straße=34.3	SEQ_BAY13-0277_SQ5	NGM
<input checked="" type="checkbox"/>	13-4811a-Straße=36.1	SEQ_BAY13-0274_SQ5	ESX
<input checked="" type="checkbox"/>	13-4811a-Straße=36.1	SEQ_BAY13-0277_SQ5	NGM
<input type="checkbox"/>	13-4811a-Straße=36.2	SEQ_BAY13-0274_SQ5	ESX
<input type="checkbox"/>	13-4811a-Straße=36.3	SEQ_BAY13-0274_SQ5	ESX 12% kein Typ enthalten

Abb. 33: Benutzeroberfläche der Software „KonS“ mit allen untersuchten Spuren

In der ersten Spalte dieser Ansicht ist der „Sample File“, bestehend aus Auftragsnummer sowie Spurenname einschließlich Spurennummer dargestellt. Weiterhin werden für jede Spur der Lauf sowie der Kit, der für die Untersuchung genutzt wurde, angezeigt (z.B. Laufnummer SEQ_BAY13-0274_SQ5, Kit ESX). Unabhängig vom genutzten Kit werden die Erstbestimmungen grün und die Zweitbestimmungen grau hinterlegt. Spuren, von denen keine Doppelbestimmungen vorliegen, werden von der Software „KonS“ nicht berücksichtigt (siehe Spuren 36.2 und 36.3; letzte beiden Zeilen). Hinter der Spur 36.3 befindet sich

weiterhin eine Prozentangabe. Die Angabe „12% kein Typ erhalten“ gibt den prozentualen Anteil der DNA-Systeme an, in denen keine Peaks detektiert werden konnten und dient dem Gutachter als zusätzliche Information bei der Bewertung der Spurenqualität. Grundsätzlich sind alle Spuren, von denen mindestens zwei Bestimmungen vorliegen, mit einem Häkchen markiert und werden somit automatisch für die weitere Bearbeitung übernommen.

Basierend auf der Publikation von Bekaert et al. [Bekaert et al., 2012] kann durch die Einstellung eines „Allelic Balance Level“ (ABL) über den Button „ABL ändern“ das Peakhöhenverhältnis der einzelnen Merkmale zueinander innerhalb eines DNA-Systems berechnet werden. Der ABL wird für jedes Allel eines DNA-Systems berechnet. Dafür wird der höchste Peak im DNA-System als Referenzpeak betrachtet. Anschließend werden alle weiteren in diesem DNA-System vorhandenen Peaks ins Verhältnis zum definierten Referenzpeak gesetzt. Der angewandte ABL ist variabel einstellbar und kann an die internen Vorgaben der Untersuchungsstelle angepasst werden.

Die automatische Ableitung der Merkmale einer Person als Hauptkomponente (z.B. gemäß den Empfehlungen der Spurenkommission bei einem vorliegenden Peakhöhenverhältnis von 4:1 für Haupt- und Nebekomponente [Schneider et al., 2006]) ist jedoch mithilfe dieser Funktion nicht zuverlässig möglich. Hierzu müssten weitere Parameter, wie beispielsweise eine Definition der maximal tolerierten Heterozygotie Imbalancen, in die Berechnung einfließen. Diese Entscheidung bleibt weiterhin dem Gutachter vorbehalten. Der ABL wurde im vorliegenden Beispiel (Abb. 33) auf den Wert 0,2 eingestellt. Demnach werden Merkmale, die einen Wert $\geq 0,2$ aufweisen ohne Klammer, dagegen Merkmale mit einem $ABL < 0,2$ in runden Klammern () dargestellt. Die Einzelergebnisse aus allen Bestimmungen werden anschließend zusammengefasst und ausgegeben (Tabelle 7, Kapitel 3.2.2). Liegt ein Merkmal in beiden Bestimmungen in runden Klammern vor, so wird dieses Merkmal in der Ergebnistabelle ebenfalls in runden Klammern dargestellt. Entsprechend verhält es sich bei einem Merkmal, das in beiden Bestimmungen ohne Klammer dargestellt wurde. Tritt ein Merkmal in einer Bestimmung in runden Klammern und in der anderen Bestimmung ohne Klammer auf, wird es in der Ergebnistabelle ohne Klammer dargestellt. Nach dem Konsensus-Ansatz finden jedoch nur die reproduzierbaren Merkmale mit der entsprechenden Klammersetzung Eingang in der Ergebnistabelle. Nichtreproduzierbare Merkmale werden in diesem Beispiel als „zb“ für Zusatzbanden gekennzeichnet. Im Gegensatz dazu werden beim Composite-Ansatz auch die nichtreproduzierbaren Merkmale in die Ergebnistabelle übernommen. Eine Anzeige dieser Merkmale erfolgt in eckigen Klammern [], wobei diese gewählte Darstellung der Haupt- und Nebekomponenten sowie reproduzierbaren und nichtreproduzierbaren Merkmalen keiner allgemein gültigen Regelung unterliegt. Beide Ansätze (Konsensus vs. Composite) sind aktuell Themen wissenschaftlicher Diskussionen [Bekaert et al., 2012; Bright et al., 2012; Cowen et al., 2011; Gill und Buckleton, 2010; Pfeifer et al., 2012]; deshalb existiert derzeit keine verbindliche nationale bzw. internationale Einigung bezüglich der Anwendung einer der beiden Methoden. Vielmehr bleibt es der einzelnen Untersuchungsstelle überlassen, sich auf eine der beiden Strategien festzulegen, weshalb bei der Entwicklung von „KonS“ beide Strategien integriert wurden.

Über den Menüpunkt „Auswahl übernehmen“ (Abb. 33) werden die vorgenommenen Einstellungen hinterlegt und die automatisierte Ergebniserstellung gestartet. Die beiden zuvor beschriebenen Ansätze (Konsensus sowie Composite) werden abschließend im Excel-Format ausgegeben.

Des Weiteren wird von dem Softwareprodukt „KonS“ bei jeder Nutzung eine LOG-Datei im txt-Format angelegt, in welcher der Programmstart und -verlauf, der Benutzer, der angewandte ABL sowie Warnungen und bei Programmabbruch die entsprechenden Fehler dokumentiert werden. Dadurch kann jede ausgeführte Aktion der Software, auch im Rahmen des Qualitätsmanagements, nachvollzogen werden. Diese LOG-Datei wird zusammen mit der Original-Reportdatei aus dem GeneMapper® sowie der erstellten Ergebnisdatei im Excel-Format in einem Ordnersystem nach DNA-Nummern abgespeichert.

In der Tabelle 12 sind beide Ansätze (Konsensus- sowie Composite-Ansatz) im Vergleich dargestellt. Exemplarisch wurden zwei Spuren (Spur 34.2 und 36.1) sowie das DNA-Identifizierungsmuster einer tatverdächtigen Person (TV) mit jeweils neun DNA-Systemen abgebildet.

Tabelle 12: Vergleich beider möglichen Ansätze

Oben: Konsensus-Ansatz mit Zusatzbanden, Mitte: Composite-Ansatz mit nichtreproduzierbaren Merkmalen in eckigen Klammern, Unten: Merkmale des Tatverdächtigen (TV)

Konsensus-Ansatz mit Zusatzbanden - zb									
DNA-Systeme	D3S1358	vWA	FIBRA	TH01	SE33	D8S1179	D21S11	D18S51	Amel
Straße 34.2	14 / 15 / 16 / 17 / (18)	(14) / (15) / 18 / zb	21 / 22 / 24 / zb	6 / (7) / (9) / (9.3) / zb	(17) / 19 / zb	10 / (11) / 13 / 14 / (15)	28 / 30 / 31.2 / (32.2) / zb	14 / 15 / 16 / 17 / (20) / zb	X / (Y)
Straße 36.1	15 / 17 / 18	mbm	(21) / 22 / 24 / zb	6 / (7) / 9.3	16 / (17) / 19 / zb	kTe	28 / 29 / 31.2 / zb	13 / 16 / (18)	X / Y

Composite-Ansatz nach der Bracket-Methode []									
DNA-Systeme	D3S1358	vWA	FIBRA	TH01	SE33	D8S1179	D21S11	D18S51	Amel
Straße 34.2	14 / 15 / 16 / 17 / (18)	(14) / (15) / 18 / [19]	21 / 22 / 24 / [27]	6 / (7) / (9) / (9.3) / [10]	[14] / (17) / 19 / [20] / [21]	10 / (11) / 13 / 14 / (15)	28 / [29] / 30 / [31] / 31.2 / (32.2)	[12] / 14 / 15 / 16 / 17 / [18] / [19] / (20)	X / (Y)
Straße 36.1	15 / 17 / 18	[14] / [15] / [16] / [18]	[20] / (21) / 22 / [23] / 24	6 / (7) / 9.3	[14] / 16 / (17) / [18] / 19	[10] / [11] / [13] / [14]	28 / 29 / [30] / [31] / 31.2	13 / 16 / (18)	X / Y

DNA-Systeme	D3S1358	vWA	FIBRA	TH01	SE33	D8S1179	D21S11	D18S51	Amel
TV	17 / 18	15 / 18	21 / 22	6 / 9.3	17 / 19	13 / 14	28 / 31.2	16 / 18	X / Y

Weiterhin stellt die Abb. 34 den blauen Farbkanal der Erst- und Zweitbestimmung der Spur 34.2 dar.

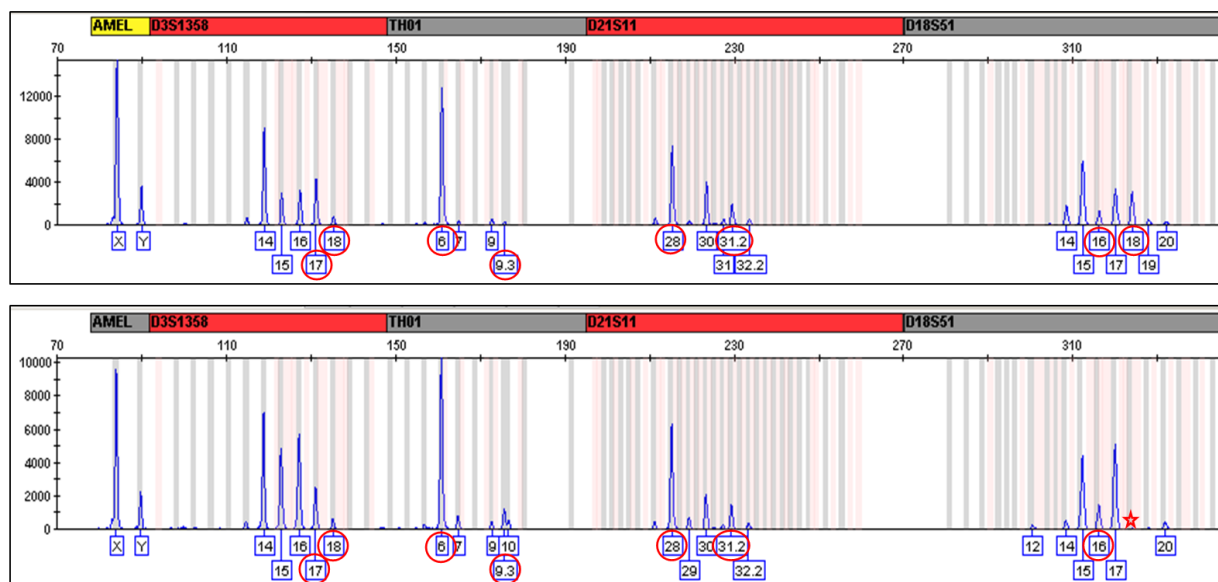


Abb. 34: Darstellung des blauen Farbkanals der Spur 34.2

mit den Systemen Amelogenin, D3S1358, TH01, D21S11 und D18S51, Oben: Erstbestimmung, Unten: Zweitbestimmung; jeweils mit PowerPlex® ESX 17 System der Firma Promega

Beide Analysen wurden in diesem Fall mit dem PowerPlex® ESX 17 System der Firma Promega durchgeführt. Das Merkmal 18 des Tatverdächtigen im DNA-System D18S51 konnte nur in einer der beiden Bestimmungen detektiert werden (Abb. 34, Stern im System D18S51). Bei der Ergebnisdarstellung mithilfe des Konsensus-Ansatzes könnte der Tatverdächtige als Mitverursacher der dargestellten Merkmalmischung nur unter Einbeziehung der Zusatzbanden im System D18S51 angegeben werden (Tabelle 12, Konsensus-Ansatz, Straße 34.2). Eine biostatistische Bewertung dieser Ergebnisse erfolgt im Rahmen der internen Vorgaben der Untersuchungsstelle. Bei der Ergebnisdarstellung nach dem Composite-Ansatz werden auch die nichtreproduzierbaren Merkmale einbezogen und in der biostatistischen Bewertung berücksichtigt (Tabelle 12, Composite-Ansatz, Straße 34.2). In dem aufgeführten Beispiel würde der Tatverdächtige demnach als Mitverursacher der Spur angegeben werden.

Ausgehend von den in der Routine durchgeführten zwei Bestimmungen können Sonderfälle auftreten. Liegen in beiden Bestimmungen unterschiedliche Merkmale in einem DNA-System vor (Tabelle 12, System vWA, Straße 36.1: 14/15 in der Erstbestimmung und 16/18 in der Zweitbestimmung), muss in der Ergebnistabelle die Abkürzung „mbm“ für „multiples Bandenmuster“ hinterlegt werden, da keines der detektierten Merkmale reproduzierbar auftrat. Diese Bezeichnung bezieht sich jedoch ausschließlich auf die Ergebniserstellung nach dem Konsensus-Ansatz. Beim Composite-Ansatz werden die jeweils nur einmal aufgetretenen Merkmale in eckigen Klammern dargestellt. Bei der Bewertung dahingehend, ob der Tatverdächtige als Mitverursacher dieser Mischung in Frage kommt, kann das System vWA im Konsensus-Ansatz nicht berücksichtigt werden. Da die Merkmale des Tatverdächtigen jedoch einmal in den beiden Bestimmungen auftraten, ergibt sich im Composite-Ansatz sehr wohl ein Hinweis darauf, dass die tatverdächtige Person als Mitverursacher der Mischung in Frage kommt.

Ebenso kann die Beurteilung bei der Bezeichnung „kTe“ erfolgen. Konnten demnach in einer der beiden Bestimmungen Merkmale in einem DNA-System nachgewiesen werden, in der

anderen Bestimmung dieses Systems wurde jedoch kein Merkmal detektiert, so wird in der Ergebnistabelle beim Konsensus-Ansatz die Bezeichnung „kTe“ für „kein Typ erhalten“ angegeben (Tabelle 12, System D8S1179, Straße 36.1). Im Gegensatz dazu werden die Merkmale im Composite-Ansatz in eckigen Klammern dargestellt.

4.2.3 Validierung von „KonS“

Auch diese Softwarelösung musste vor der Inbetriebnahme, wie im Rahmen der DIN EN ISO 17025 gefordert, validiert werden. Dafür wurde bei ca. 200 Spuren aus der Routine zunächst die Bewertung der Ergebnisse manuell durchgeführt. Im Anschluss daran wurden dieselben Daten mit der Software „KonS“ ausgewertet. Die Ergebnisse sowohl nach dem Konsensus- als auch dem Composite-Ansatz wurden auf Fehler überprüft und mit der manuellen Ergebniserstellung verglichen. Besondere Aufmerksamkeit galt dabei auch der Ergebniserstellung bei mehr als zwei Bestimmungen. Darüber hinaus wurde die von „KonS“ vorgenommene Klammerung der Merkmale, die über den eingestellten ABL gesteuert wird, kontrolliert und an die Routine angepasst. Auch die Bezeichnungen „mbm“ und „kTe“, die im Konsensus-Ansatz auftreten können, wurden überprüft. Im Rahmen des Composite-Ansatzes erfolgte eine Verifizierung dahingehend, ob alle nichtreproduzierbaren Merkmale in eckigen Klammern dargestellt wurden. Weiterhin wurde kontrolliert, ob die Softwarelösung mögliche Fehler, wie z.B. OL-Allele erkennt und mit Spurennummer, Bestimmung und DNA-System anzeigt. Nach ausführlicher Validierung des Softwareprodukts wurde auch dieses in den Routinebetrieb integriert.

4.3 TableColor „TCol“

Mithilfe der Software „TCol“ (TableColor) können Identifizierungsmuster von Personen bzw. DNA-Merkmale von Spuren, die von einer Person verursacht wurden oder aus denen eine Hauptkomponente abgeleitet werden konnte, mit den DNA-Merkmalen von vorliegenden Mischspuren automatisiert abgeglichen und anschließend optisch hervorgehoben werden [Heyder et al., 2013]. Ein Ausschnitt aus dem aktuellen Prozess nach Umsetzung der im SOLL-Prozess beschriebenen Anforderungen kann der Abb. 35 entnommen werden.

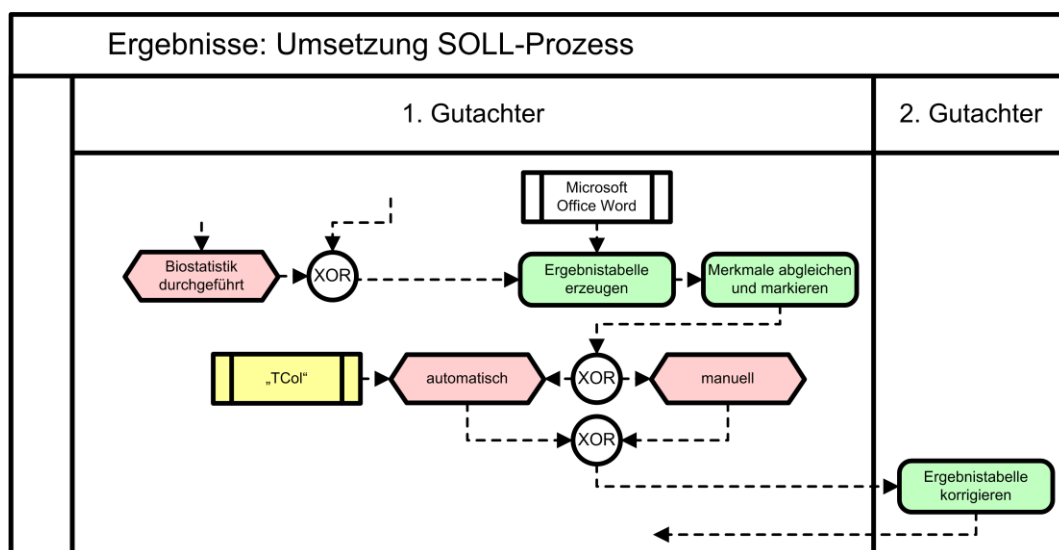


Abb. 35: Ausschnitt Umsetzung SOLL-Prozess - „TCol“

Das Softwaretool „TCol“ wurde in der Programmiersprache Visual Basic mit der Entwicklungsumgebung Microsoft Visual Basic 2010 programmiert. Auch hier erfolgte die Programmierung im Rahmen einer Kooperation mit der Universität der Bundeswehr München. Dieses Softwareprodukt wurde ebenfalls auf der Grundlage des innerhalb dieser Arbeit erarbeiteten SOLL-Prozesses inklusive der entwickelten Datenstrukturen, Verarbeitungs- und Darstellungsansätze sowie aller beschriebenen Anforderungen (Kapitel 3.3) programmiert.

4.3.1 Funktionalität von „TCol“

Die Ergebnisse der forensischen DNA-Analyse werden in einer Tabelle am Ende des Gutachtens (Word-Format) dargestellt. Die Softwarelösung „TCol“ wird direkt aus diesem Word-Dokument heraus gestartet, wobei die Software zunächst eine formale Fehlerüberprüfung innerhalb der betrachteten Ergebnistabelle durchführt. Demzufolge dürfen in der Tabelle nur Zahlen im definierten Wertebereich auftreten. Auch sind nur Zeichen erlaubt, die unterhalb der Ergebnistabelle in einer Legende definiert sind („zb“ für Zusatzbanden, „mbm“ für multiples Bandenmuster usw.). Liegt ein formaler Fehler (z.B. Formatierungsfehler, unzulässige Allelbezeichnung) innerhalb der Ergebnistabelle vor, erhält der Gutachter eine entsprechende Meldung und die Software wird automatisch abgebrochen. Die Korrektur des Fehlers obliegt dabei ausschließlich dem Gutachter - die Softwarelösung führt keine selbstständige Fehlerkorrektur durch. Bei jedem Start des Softwareprodukts wird darüber hinaus eine ausführliche LOG-Datei erstellt und gespeichert. In dieser Datei werden alle Schritte der Software nachvollziehbar und langfristig dokumentiert, was besonders im Rahmen des Qualitätsmanagements gefordert wird. Bei einem formal korrekten Word-Dokument öffnet sich anschließend die Benutzeroberfläche (Abb. 36).

The screenshot shows the TCol software interface. At the top is a menu bar with 'Gutachten', 'Optionen', and 'Info...'. Below it is a table with columns: TabNr., ZeilenNr., DNA, D3S1358, VWA, FIBRA, TH01, SE33, D8S1179, and D21S11. The table contains three rows of data. Below the table is a large empty space. At the bottom is a status bar with 'Aktueller User: HEY' and 'Datenstruktur wurde erfolgreich aufgebaut...'. Red annotations are present: '1' points to the 'Gutachten' menu, '2' points to the table, '3' points to the empty space below the table, and '4' points to the status bar.

TabNr.	ZeilenNr.	DNA	D3S1358	VWA	FIBRA	TH01	SE33	D8S1179	D21S11
1	3	PlatzAbrieb 1	(15) / (16) / 17 / (18)	(14) / 16 / 18 / zb	19 / (22) / zb	7 / (8) / 9	19 / (22.2) / (28.2) / (29.2) / zb	(12) / 13 / 14 / zb	28 / 29 / 30 / zb
1	4	PlatzAbrieb 2	16 / 17 / (18)	(15) / 16 / 18	19 / 23 / (24) / zb	7 / (8) / 9	19 / (20.2) / (28.2) / 29.2	(12) / 13 / 14	28 / 29 / 30
1	6	PlatzAbrieb 4	18 / zb	15 / 18 / zb	20 / 24 / zb	(6) / 8 / 9 / (9.3)	20.2 / 28.2 / zb	12 / 13 / zb	29 / 30 / zb

TabNr.	ZeilenNr.	DNA	D3S1358	VWA	FIBRA	TH01	SE33	D8S1179	D21S11	D18S51	Amel	D16S539
1	5	PlatzAbrieb 2 HK	16 / 17	16 / 18	19 / 23	7 / 9	19 / 29.2	13 / 14	28 / 29	16 / 18	X / Y	9 / 9
1	7	PlatzAbrieb 4 HK	18 / 18	15 / 18	20 / ?	8 / 9	20.2 / 28.2	12 / 13	29 / 30	16 / 17	X / X	10 / 13
1	8	DAD11:XXXXXXXX	15 / 17	14 / 18	22 / 24	7 / 9	22 / 28.2	13 / 14	28 / 31.2	14 / 15	X / Y	9 / 11

Aktueller User: HEY Datenstruktur wurde erfolgreich aufgebaut...

Abb. 36: Ausschnitt Benutzeroberfläche der Software „TCol“

Die Benutzeroberfläche teilt sich in vier Bereiche: In der Menüleiste (Bereich 1) kann unter der Rubrik „Gutachten“ der Abgleich- und Markiervorgang gestartet werden. Unter dem Menüpunkt „Optionen“ befindet sich u.a. die Drop Out-Tabelle (Abb. 37). Denn aufgrund mangelnder DNA-Quantität und/oder -Qualität kommt es immer wieder vor, dass nicht alle Merkmale der Person in der Spur bzw. reproduzierbar in beiden Bestimmungen auftreten, die Person jedoch als Mitverursacher dieser Spur nicht grundsätzlich auszuschließen ist. Eine maximale Anzahl an fehlenden Merkmalen abhängig von der Anzahl der untersuchten DNA-Systeme, bei denen trotzdem noch eine farbliche Zuordnung erfolgen soll, muss zuvor vom

Gutachter in dieser Drop Out-Tabelle festgelegt werden. Diese Festlegung ist von der Komplexität der Spur oder auch von Verwandtschaftsverhältnissen von abzugleichenden Personen untereinander, abhängig.

Aus diesem Grund sollten in der Drop Out-Tabelle die entsprechenden Rahmenbedingungen für den Abgleich in diesem speziellen Fall definiert werden. Darüber hinaus sind im Menü weitere generelle Informationen über das Softwareprodukt enthalten.

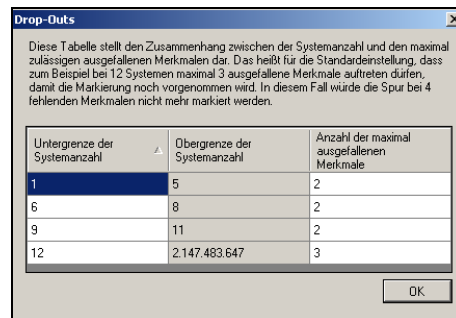


Abb. 37: Drop Out-Tabelle der Software „TColl“

Im zweiten Bereich der Benutzeroberfläche (Abb. 36) werden alle DNA-Profile der Merkmalmischungen angezeigt, die in den Abgleich einbezogen werden sollen. Diese Mischspuren werden von der Software automatisch von den zum Abgleich zur Verfügung stehenden Vergleichsmustern (partielle bzw. vollständige Hauptkomponenten oder Identifizierungsmuster von Personen) getrennt. Diese Vergleichsmuster und demnach auch Tatortspuren, die von einer Person verursacht wurden, werden im unteren Bereich der Benutzeroberfläche (Abb. 36, Bereich 3) dargestellt. Diesen kann eine Kombination aus Hintergrund- und Textfarbe zugewiesen werden. Im vierten Bereich der Benutzeroberfläche befinden sich eine Statusleiste mit Fortschrittsbalken sowie die Anzeige des aktuellen Benutzers. Nachdem alle notwendigen Einstellungen vorgenommen wurden, kann der Abgleich- und Markiervorgang gestartet werden. Die farblich markierte Ergebnistabelle wird abschließend wieder als Word-Datei ausgegeben. In der Tabelle 13 ist eine solche Ergebnistabelle exemplarisch mit zehn der untersuchten 16 Systemen dargestellt.

Tabelle 13: Fertiggestellte Ergebnistabelle

DNA-Systeme	D3S1358	VWA	FIBRA	THO1	SE33	D8S1179	D21S11	D18S51	Amel	D16S539
Platz Abrieb 1	(15) / (16) / 17 / (18)	(14) / 16 / 18 / zb	19 / (22) / zb	7 / (8) / 9	19 / (22.2) / (28.2) / (29.2) / zb	(12) / 13 / 14 / zb	28 / 29 / 31.2 / zb	(14) / (15) / 16 / 17 / 18 / zb	X / Y	9 / (11) / (13) / zb
Platz Abrieb 2	16 / 17 / (18)	(15) / 16 / 18	19 / 23 / (24) / zb	7 / (8) / 9	19 / (20.2) / (28.2) / 29.2	(12) / 13 / 14	28 / 29 / (30)	16 / (17) / 18	X / Y	9 / (10) / (13)
Platz Abrieb 2 HK	16 / 17	16 / 18	19 / 23	7 / 9	19 / 29.2	13 / 14	28 / 29	16 / 18	X / Y	9 / 9
Platz Abrieb 4	18 / zb	15 / 18 / zb	20 / 24 / zb	(6) / 8 / 9 / (9.3)	20.2 / 28.2 / zb	12 / 13 / zb	29 / 30 / zb	(11) / 16 / 17	X / X	10 / 13 / zb
Platz Abrieb 4 HK	18 / 18	15 / 18	20 / ?	8 / 9	20.2 / 28.2	12 / 13	29 / 30	16 / 17	X / X	10 / 13
DAD11-XXXXXX	15 / 17	14 / 18	22 / 24	7 / 9	22 / 28.2	13 / 14	28 / 31.2	14 / 15	X / Y	9 / 11

zb = Zusatzbanden; [] = Nebenbestandteil; ? = 2. Merkmal fraglich; HK = Hauptkomponente

Anhand der Tabelle 13 ist erkennbar, dass die Merkmale der in rot dargestellten Vergleichsperson (DAD11-XXXXXX), in der Spur Abrieb 1 zu finden sind. Es fehlen jedoch das Allel 24 im System FIBRA sowie das Allel 22 im System SE33. Eine Hinweismeldung

darüber, dass Merkmale einer Person innerhalb einer abgeglichenen Spur fehlen, wird von der Software nach erfolgtem Abgleich ausgegeben. Auf der Grundlage dieser Hinweismeldung betrachtet der Gutachter anschließend die Rohdaten und legt fest, ob es sich bei den fehlenden Allelen um Zusatzbanden (zb), also nichtreproduzierbare Merkmale, oder um einen möglichen „Allelic Drop Out“ handelt. Bei einem möglichen „Allelic Drop Out“ würde das entsprechende Merkmal in keiner der Bestimmungen auftreten. Hier ist eine manuelle Einzelfallentscheidung des Gutachters nach nochmaliger Prüfung der Originaldaten nötig, die nicht automatisiert werden kann. Ebenso fehlt, ausgehend von der Hauptkomponente von Abrieb 2 (blau dargestellt), das Allel 23 im System FIBRA der Spur Abrieb 1. Weiterhin finden sich die DNA-Merkmale der Hauptkomponente aus Abrieb 4 (gelb hinterlegt) in der Spur Abrieb 2. Jedoch fehlt hier das Allel 20 im System FIBRA. Auch in diesen Fällen ist eine gutachterliche Entscheidung nach Überprüfung der Rohdaten notwendig. Da alle aufgezählten Merkmale als Zusatzbanden in den Rohdaten auftreten, wird die Abkürzung „zb“ in den jeweiligen Systemen vom Gutachter manuell mit der zu der Person passenden Farbe hinterlegt. Sollten sich mehrere Spurenmitverursacher ein Merkmal teilen, ist es mit „TCol“ jederzeit möglich, ein Allel mit mehreren Farben zu markieren. Bei einer Zahl bestehend aus zwei Ziffern werden zunächst die einzelnen Ziffern mit den unterschiedlichen Farben hinterlegt. Besitzen noch weitere Personen das entsprechende Allel, wird jeweils vor bzw. nach der Zahl ein Leerzeichen eingefügt und dieses mit der entsprechenden Farbe hinterlegt. Bis auf diese notwendigen Leerzeichen fügt die Software jedoch keine weiteren Zeichen in die Ergebnistabelle ein. Auch werden vorhandene Zeichen in keiner Form verändert. „TCol“ nimmt nach erfolgtem Abgleich ausschließlich eine farbliche Hinterlegung der vorliegenden Allelwerte vor. Grundsätzlich sollte jedoch abschließend der Abgleich sowie die farbliche Markierung vom Gutachter hinsichtlich der vorliegenden Fallkonstellation hinterfragt und auf Plausibilität überprüft werden. Da die Software „TCol“ lediglich als Hinweis für das Vorliegen einer Person bzw. Hauptkomponente als Mitverursacher einer Spur dient, sollten Aspekte wie die Komplexität der Spur oder etwaige Verwandtschaftsverhältnisse in die abschließende Bewertung mit einfließen. Der Gutachter hat jederzeit die Möglichkeit vorliegende farbliche Markierungen zu entfernen, da alle genutzten Farbkombinationen in Microsoft® Office Word 2003 verfügbar sind. Somit trifft der Gutachter stets die letzte Entscheidung darüber, ob eine Person bzw. Hauptkomponente als Verursacher bzw. Mitverursacher einer Spur in Frage kommt oder auszuschließen ist.

Weiterhin ist es möglich Ergebnistabellen, die aus weniger als 17 untersuchten Systemen bestehen oder ggf. eine andere Systemauswahl beinhalten, in das Word-Dokument mit der aktuellen Ergebnistabelle einzufügen und entsprechend in den Abgleich einzubeziehen. Dafür spielt es für das Softwareprodukt keine Rolle, mit welcher Anzahl an Systemen die Spuren untersucht wurden, ausschlaggebend sind ausschließlich die zuvor in der Software definierten Systembezeichnungen. Darüber hinaus ist es notwendig die entsprechenden Kriterien für den Abgleich in der Drop Out-Tabelle (Abb. 37) zu definieren. Parallel können zu den autosomalen Systemen auch die Ergebnisse Y-chromosomaler Untersuchungen in den automatisierten Abgleich bzw. die entsprechende farbliche Markierung einbezogen werden.

Des Weiteren sind in einer Initialisierungsdatei, die vor jedem Programmstart neu geladen wird, alle bisher benötigten DNA-Systembezeichnungen gespeichert. Bei Umstellung auf einen neuen Kit mit noch nicht hinterlegten DNA-Systemen, kann der Systemadministrator

diese Initialisierungsdatei eigenständig erweitern, wodurch die neu eingepflegten DNA-Systeme nun ebenfalls zum automatisierten Abgleich und zur farblichen Markierung herangezogen werden. Anpassungen an Weiterentwicklungen im Rahmen der forensischen DNA-Analyse sind somit jederzeit möglich.

4.3.2 Erweiterung von „TCol“

Während der Nutzung des Softwareproduktes „TCol“ im Routinebetrieb hat sich eine Problematik ergeben, welche im Rahmen einer Erweiterung dieses Tools behoben werden konnte. Für den Abgleich der DNA-Merkmale einer Person mit einer Tatortspur musste für diese zunächst eine Farbkombination ausgewählt werden. Erst im Anschluss daran konnte der Abgleich mit den DNA-Merkmalen der Tatortspur erfolgen. Lagen nun beispielsweise 40 Vergleichspersonen vor, die mit einer Tatortspur abgeglichen werden sollten, musste folglich zunächst jede dieser Personen eine Kombination aus Hintergrund- und Textfarbe zugewiesen werden. Erst im Anschluss daran konnte der Abgleich von der Software durchgeführt werden. Jedoch ist die Standardauswahl an Farbkombinationen gemäß Microsoft® Office Word 2003 beschränkt und der Zeitaufwand für die Bearbeitung soll so gering wie möglich gehalten werden. Aus diesem Grund wurde das Softwareprodukt „TCol“ in einer zweiten Version so umgestellt, dass zunächst der Abgleich erfolgt und somit vorab die Anzeige möglich ist, ob grundsätzlich eine Person als Mitverursacher dieser Tatortspur in Frage kommt oder nicht. Erst im Anschluss an den Abgleich wird der Person, welche tatsächlich als Mitverursacher der Spur angezeigt wird, eine Farbkombination zugewiesen. Den Personen, die nach dem Abgleich als Mitverursacher der Tatortspur ausgeschlossen werden können, braucht demnach keine Farbkombination zugeordnet werden, da diese Personen in der Ergebnistabelle ebenfalls ohne Farbe dargestellt werden.

4.3.3 Validierung von „TCol“

Abschließend erfolgte auch bei dieser Software eine systematische Validierung mit insgesamt über 350 Spuren, wie es gemäß der DIN EN ISO 17025 gefordert wird. Vergleichbar mit der Validierung des Softwareprodukts „VDB“ (Tabelle 10, Kapitel 4.1.4) wurden verschiedene Anwendungsfälle getestet: vollständige bzw. partielle, homozygote bzw. heterozygote sowie autosomale bzw. Y-chromosomale Vergleichsmuster, welche mit unterschiedlich komplexen Mischungen abgeglichen wurden. Darüber hinaus erfolgte die Kontrolle der farblichen Markierung, wenn es zu Übereinstimmungen mehrerer Personen mit einer Mischung kommt. Weiterhin wurden gleiche Farbkombinationen für unterschiedliche Vergleichsmuster vergeben und überprüft, ob die Software den Anwender darauf hinweist. Ebenso wurde getestet, ob die Software eine Meldung ausgibt, wenn keine Farbe ausgewählt wurde. Darüber hinaus erfolgte die Kontrolle, ob die ausgegebenen Ergebnisse hinsichtlich der in der Drop Out-Tabelle (Abb. 37, Kapitel 4.3.1) eingestellten Parameter korrekt ausgegeben werden. Abschließend wurden in weiteren Anwendungsfällen unterschiedliche formale Fehler (falscher Systemname, dreistellige Zahlen, nicht definierte Abkürzungen) in der Ergebnistabelle hinterlegt und geprüft, ob diese korrekt von der Software erkannt und ausgegeben werden. Nach erfolgreicher Validierung wurde dieses Tool in den Routinebetrieb übernommen.

5 Diskussion

In der DIN EN ISO 9241-11 „Anforderungen an die Gebrauchstauglichkeit – Leitsätze“ sind die international gültigen Standards zur Bewertung der „Ergonomie der Mensch-System-Interaktion“ festgehalten (Stand 1999). Die DIN EN ISO 9241-11 definiert die Leitkriterien für die sogenannte „Usability“ einer Software wie folgt: „Das Ausmaß, in dem ein interaktives System durch bestimmte Benutzer in einem bestimmten Nutzungskontext genutzt werden kann, um bestimmte Ziele effektiv, effizient und zufriedenstellend zu erreichen.“ [DAkkS, 2010]. Der Nutzungskontext hängt wiederum vom Benutzer, den Arbeitsaufgaben, den Arbeitsmitteln sowie der Umgebung ab.

Dabei ist die Effektivität definiert als die Genauigkeit und Vollständigkeit, mit der ein Benutzer ein bestimmtes Ziel erreicht. Das heißt, die vorliegenden Aufgaben sind mit dem System möglichst vollständig und korrekt zu erfüllen.

Als Effizienz wird der im Verhältnis zur Genauigkeit und Vollständigkeit eingesetzte Aufwand, mit dem ein Benutzer ein bestimmtes Ziel erreicht, bezeichnet. Demnach muss der Anwender die anstehenden Aufgaben zuverlässig und mit einem möglichst geringen Aufwand lösen können. Dabei steht die Effizienz im Verhältnis zur Effektivität und kann anhand der Zeit, die ein Benutzer benötigt, um eine Aufgabe zu erfüllen, gemessen werden.

Der Punkt Zufriedenstellung beschreibt die Zufriedenheit des Anwenders bei der Nutzung des Systems. Es handelt sich hierbei um ein eher subjektives Kriterium, welches aber anhand der folgenden Parameter gemessen werden kann: Verhältnis von positiven zu negativen Kommentaren während der Nutzung des Softwareproduktes, Häufigkeit der Anwendung sowie Häufigkeit von Beschwerden bei der Anwendung der Software [DAkkS, 2010].

Gemäß den in der DIN EN ISO 9241-11 aufgeführten Punkten [DAkkS, 2010] werden die im Rahmen dieser Arbeit entwickelten Softwarelösungen nachfolgend bewertet und diskutiert. Darüber hinaus wird im Rahmen des Benchmarking, also des Vergleichs beispielsweise mit Produkten oder Prozessen anderer Unternehmen [Rivière, 2011; Wirtschaftslexikon, 2016], die Software GenoProof® Mixture 2 der Firma Qualitytype AG betrachtet und bewertet. Dieses Softwareprodukt wird als Komplettlösung, angefangen von der Rohdaten-Analyse über die Auswertung bis hin zur Darstellung der im Rahmen der forensischen DNA-Analyse erhaltenen Daten, angeboten. GenoProof® Mixture 2 wird beispielsweise von einigen Landeskriminalämtern und rechtsmedizinischen Instituten angewandt, wodurch genau definierte Prozessschritte mit anderen Untersuchungsstellen verglichen werden können. Publikationen hinsichtlich der Prozessstrukturen anderer rechtsmedizinischer Institute oder Landeskriminalämter liegen nicht vor. Demnach werden die im Rahmen dieser Arbeit entwickelten Softwarelösungen der GenoProof® Mixture 2 Software der Firma Qualitytype AG gegenübergestellt.

5.1 Usability der „VDB“

Im Rahmen der Entwicklung der forensischen DNA-Analyse hat sich die Anzahl der untersuchten DNA-Systeme von anfänglich fünf auf nunmehr 16 verschiedene Marker erhöht [Brodersen et al., 2003]. Darüber hinaus treiben viele Firmen die Verbesserung der Untersuchungsmethoden stets voran. Demzufolge sinken die Sensitivitätsgrenzen immer weiter, was einen enormen Einfluss auf die Diskriminierungs- und Aussagekraft aber auch auf die entsprechende Menge an Daten sowie deren Bearbeitung hat. Im Bezug auf die immer sensitiveren Analysen steht besonders die Datensicherheit an oberster Stelle. Probenvertauschungen, fehlerhafte Zuordnungen oder Fehlinterpretationen der Ergebnisse wären fatal und müssen nach bestem Wissen und Gewissen ausgeschlossen werden, weshalb die Entwicklung einer Vergleichsdatenbank zur Aufdeckung von Kontaminationen ein enorm wichtiges Projekt darstellte. Mithilfe dieser Vergleichsdatenbank ist es nun möglich Mitarbeiter-Spur-Kontaminationen zu detektieren. Dafür müssen die DNA-Profile möglichst aller Personen, die grundsätzlich eine Spur kontaminieren könnten (Spurensicherer, Mitarbeiter des Instituts, Reinigungskräfte, Techniker usw.), in der „VDB“ hinterlegt sein. Weiterhin ist es mit dieser Software möglich, Spur-Spur-Kontaminationen zu erkennen. Hierfür müssen die DNA-Identifizierungsmuster von Spuren, die aufgrund ihrer hohen DNA-Qualität und -Quantität eine andere Spur kontaminieren könnten, in der „VDB“ gespeichert werden. Aber auch die DNA-Profile der Positivkontrollen, die während jeder Analyse im Labor mitlaufen und eine andere Probe kontaminieren könnten, werden in der „VDB“ hinterlegt. Anschließend können alle im Labor untersuchten Tatortspuren mit den gespeicherten DNA-Identifizierungsmustern verglichen werden.

5.1.1 Effektivität der „VDB“

Bezüglich des angestrebten Mitarbeiter-Spur-Vergleichs kann nach Betrachtung des IST-Prozesses (Kapitel 2.2.2) eine Verbesserung des Arbeitsablaufes festgestellt werden. Im Vergleich zum im bisherigen IST-Prozess beschriebenen Mitarbeiter-Spur-Vergleich kann mit dem entwickelten SOLL-Prozess und der dazugehörigen Softwareunterstützung nun eine erweiterbare Liste an Personen, die eine Spur kontaminieren könnten, in der Datenbank hinterlegt und zum Abgleich herangezogen werden. Die bisherige Begrenzung auf maximal 35 Datensätze konnte aufgehoben werden. Darüber hinaus ist es nun möglich, alle übereinstimmenden DNA-Systeme in den Abgleich einzubeziehen - die Beschränkung auf nur vier definierte Systeme entfällt. Dies führt dazu, dass nur Mitarbeiter als mögliche Verursacher einer Kontamination angezeigt werden, wenn deren Merkmale in allen übereinstimmenden DNA-Systemen auftreten - eine Berücksichtigung der in der Drop Out-Tabelle (Abb. 17, Kapitel 4.1.3.1) hinterlegten Parameter vorausgesetzt. Mithilfe dieser Drop Out-Tabelle kann die maximale Anzahl an fehlenden Merkmalen bezogen auf die Anzahl der übereinstimmenden DNA-Systeme, bei denen trotzdem noch die Anzeige einer möglichen Kontamination erfolgen soll, definiert werden. Abhängig von der Komplexität der Spuren kann diese Einstellung ggf. vom Gutachter angepasst werden. Hier ist eine sorgfältige Abwägung bzgl. der Anzeige der Treffer im Gegensatz zum Arbeitsaufwand der Bewertung aller Treffer notwendig. Nach einer ausführlichen Validierung (Kapitel 4.1.4) kann der entwickelte Mitarbeiter-Spur-Abgleich gemäß der DIN EN ISO 9241-11 als vollständig und korrekt

angegeben werden. Mitarbeiter-Spur-Kontaminationen werden jederzeit von der „VDB“ erkannt und dem Gutachter angezeigt.

Die zweite wichtige Aufgabe der „VDB“ stellt der Spur-Spur-Vergleich dar. Dieser Vergleich war bisher manuell aufgrund des großen Datenvolumens in der Abteilung nicht zu leisten. Die im Labor bearbeiteten Spuren werden zum Teil aufgeteilt und gelangen an mehrere Gutachter zur weiteren Bewertung. Eine Spur-Spur-Kontamination könnte somit nur erkannt werden, wenn ein permanenter Abgleich zwischen den Daten der jeweiligen Gutachter stattfinden würde. Dies ist allerdings aufgrund des hohen Untersuchungsaufkommens manuell nicht zu leisten. Eine Software zur Unterstützung war somit zwingend erforderlich.

Da die Überprüfung auf Spur-Spur-Kontaminationen mithilfe der Datenbank erstmalig durchgeführt werden kann, ist eine Gegenüberstellung zum IST-Prozess nicht möglich.

Die im SOLL-Prozess formulierte Annahme (Kapitel 3.1), für den Spur-Spur-Abgleich könnte eine Abarbeitung über Nacht notwendig sein, hat sich bisher nicht bestätigt. Durch den integrierten 2-Wochen-Speicher steigt die Zahl der in der Kategorie 'JOB' gespeicherten Datensätze in der Regel nicht auf über 1.000 Profile an. Die an die Datenbank übersandten Datensätze werden für einen definierten Zeitraum gespeichert und anschließend inaktiviert, da eine Spur-Spur-Kontamination über mehrere Wochen im Labor aufgrund von Reinigungs- und Dekontaminationsmaßnahmen praktisch auszuschließen ist. Darüber hinaus bleibt die Anzahl der in der Kategorie 'MA' gespeicherten Mitarbeiterprofile annähernd konstant. Die Anzahl der in der Kategorie 'VM' gespeicherten Profile der Vergleichsmuster liegt aktuell weit unter der Anzahl der im 2-Wochen-Speicher hinterlegten Datensätze. Innerhalb von vier Wochen konnten ca. 200 Vergleichsmuster von den Gutachtern der DNA-Abteilung gespeichert werden. Eine Abarbeitung über Nacht wäre zukünftig dennoch problemlos möglich, da die Jobs unabhängig vom Computer des Gutachters auf dem Server bearbeitet werden. Die erhaltenen Ergebnisse werden anschließend in der GUI der „VDB“ angezeigt und verbleiben dort so lange, bis der Gutachter eine Einteilung der Treffer hinsichtlich „Kontamination“ bzw. „keine Kontamination“ vorgenommen hat. Beim Schließen der Software, beispielsweise am Ende eines Arbeitstages, gehen keine Jobs bzw. Treffer verloren.

Im Rahmen des Spur-Spur-Abgleichs kam es bisher in einigen Fällen zur Anzeige eines Treffers, welcher nicht zwangsweise auf eine Spur-Spur-Kontamination hinweisen muss. Durch die Übersendung von Spuren aus einem definierten räumlichen Gebiet, beispielsweise im Rahmen von Vergabeverfahren, kann es auch zu Treffern kommen, die weniger auf eine Kontamination als vielmehr auf einen Tatzusammenhang schließen lassen. Eine vollständige Übereinstimmung der Datensätze eines Treffers bedarf demnach einer genauen Überprüfung hinsichtlich der Labor- sowie der Auftragsdaten. Ob es sich tatsächlich um einen Tatzusammenhang handelt - sofern dies nicht bereits vom Auftraggeber mitgeteilt wurde - wird schlussendlich im Rahmen der Überprüfung der an die DNA-Analysedatei übersandten Meldebögen festgestellt und den Polizeidienststellen mitgeteilt.

Mit der entwickelten Vergleichsdatenbank können darüber hinaus auch Reagenzienkontaminationen detektiert werden. So können Fehlinterpretationen bei der Gutachtenerstellung vermieden werden, da diese die Ermittlungen entscheidend beeinflussen oder gar in eine falsche Richtung lenken können - so geschehen im Fall des „Phantoms von Heilbronn“. Hier wurden zur Spurensicherung eingesetzte Wattetupfer durch eine Mitarbeiterin

der Herstellerfirma kontaminiert. Diese, über einen Zeitraum von 15 Jahren nicht erkannte, Verunreinigung führte zu einem weit über die Grenzen der Republik diskutierten Ermittlungsskandal, da dieses weibliche DNA-Identifizierungsmuster an über 40 Tatorten in Deutschland, Österreich und Frankreich nachgewiesen werden konnte [Primorac und Schanfield, 2014]. Mit der Verfolgung dieses Phantoms sind inzwischen über 16.000 Stunden Polizeiarbeit und immense Kosten für die Strafverfolgungsbehörden (geschätzt über 2 Millionen Euro) verbunden [Pearson et al., 2010]. Seither wurden die Anforderungen bzgl. der Kontaminationsvermeidung erheblich gesteigert [Gill et al., 2010] und von den Herstellerfirmen umgesetzt (beispielsweise Promega [Pearson et al., 2010]). Aber auch der Einsatz von Datenbanken zum Abgleich von Profilen von Abteilungs- und Institutsmitarbeitern, Lieferanten, Reinigungspersonal und Polizeibeamten mit den untersuchten Tatortspuren wird ausdrücklich empfohlen [Gill et al., 2010] und bei Vergabeverfahren z.B. des Bundeslandes Bayern gefordert. Diesen Empfehlungen und Forderungen kann mit der im Rahmen dieser Arbeit entwickelten Vergleichsdatenbank nachgekommen werden.

Unabhängig davon können mithilfe dieser Software ggf. auch Probenvertauschungen erkannt werden. Eine solche Vertauschung muss beispielsweise in Betracht gezogen werden, wenn sich die DNA-Merkmale einer Vergleichsspeichelprobe nicht in den entsprechenden Tatortspuren finden, dafür jedoch in Tatortspuren eines anderen Falles und umgekehrt auftreten. Dies kann ein Hinweis auf eine Probenvertauschung sein, welche ohne die Vergleichsdatenbank bisher nicht hätte erkannt werden können, da ein Abgleich zwischen verschiedenen Fällen bislang manuell nicht möglich war.

5.1.2 Effizienz der „VDB“

Bis zur Einführung der Vergleichsdatenbank erfolgte der Mitarbeiter-Spur-Abgleich in der DNA-Abteilung in nur vier definierten DNA-Systemen. Demnach wurden alle Mitarbeiter als Verursacher einer Kontamination angezeigt, wenn es zu einem Treffer in diesen Systemen kam. Bei komplexen DNA-Merkmalmischungen kam es somit zu vielen falsch positiven Anzeigen, die vom Gutachter überprüft werden mussten. In der Regel konnten die angezeigten Mitarbeiter jedoch schon nach Betrachtung einiger weiterer Systeme als Verursacher ausgeschlossen werden. Mithilfe der „VDB“ werden nun nur noch die Personen angezeigt, die abhängig von den Parametern in der Drop Out-Tabelle tatsächlich als Verursacher einer Kontamination in Frage kommen. Demnach ergibt sich in dieser Hinsicht ein Zeitersparnis bei der Bewertung von Mitarbeiter-Spur-Treffern.

Darüber hinaus ist es mit dem entwickelten Softwareprodukt nun erstmalig möglich, Spur-Spur-Kontaminationen in der DNA-Abteilung des Instituts für Rechtsmedizin München aufzudecken. Eine eindeutige Bewertung hinsichtlich der Einordnung „Kontamination“ bzw. „keine Kontamination“ ist zwar erst nach Betrachtung aller labor- und auftragsspezifischen Angaben sowie unter Berücksichtigung der Komplexität der Spur, der Anzahl der übereinstimmenden Systeme sowie der Anzahl der ausgefallenen Merkmale möglich, jedoch steigt die Qualität der Gutachten. Da eine vollständige Kontaminationskontrolle durchgeführt wurde, können die Analyseergebnisse der im Labor untersuchten Spuren nach bestem Wissen und Gewissen im abschließenden Gutachten angegeben werden.

Die Analyseergebnisse aus der GutTab können mit sehr geringem Aufwand an die Vergleichsdatenbank übermittelt werden, der Abgleich erfolgt automatisiert und auch eine gefilterte Anzeige von Treffern ist möglich. Demnach kann die Vergleichsdatenbank als effizientes Werkzeug für die Aufdeckung von Mitarbeiter-Spur- sowie Spur-Spur-Kontaminationen angesehen werden.

Seit der Inbetriebnahme der „VDB“ in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München (ca. sechs Monate) konnten drei Mitarbeiter-Spur-Kontaminationen detektiert werden. Dabei handelt es sich um eine Kontamination durch einen Spurensicherer einer Polizeidienststelle sowie um zwei weitere Kontaminationen innerhalb der DNA-Abteilung des Instituts. Grundsätzlich sollten Kontaminationen durch gründliches Reinigen der Geräte und Materialien sowie diverse Schutzmaßnahmen vermieden werden. Kommt es aber dennoch zu einer Kontamination durch einen Mitarbeiter, muss dies zwingend erkannt werden, was mithilfe der im Rahmen dieser Arbeit entwickelten „VDB“ in ausführlichem Umfang erstmalig ermöglicht wurde. Auf der Grundlage dieser Kontaminationen können anschließend Maßnahmen im Rahmen des Qualitätsmanagements eingeleitet werden. Dies betrifft beispielsweise die Änderung von Arbeitsabläufen im Labor oder auch abteilungsübergreifend, wie zum Beispiel bei der Spurensicherung im Rahmen körperlicher Untersuchungen, die ebenfalls im Institut für Rechtsmedizin München durchgeführt werden können.

5.1.3 Zufriedenstellung der „VDB“

Für die erfolgreiche Aufdeckung von Kontaminationen ist es für alle Gutachter der Abteilung unumgänglich ihre aktuellen Analyseergebnisse zur Überprüfung an die „VDB“ zu senden bzw. die Vergleichsmuster in der „VDB“ zu speichern. Mithilfe eines ausführlichen Handbuchs sowie einer Schulung zur Anwendung der Datenbank gelang eine reibungslose Integration der „VDB“ in den Arbeitsablauf. Die GUI der „VDB“ wurde weiterhin so gestaltet, dass eine intuitive Bedienung möglich ist. Die Reiter der GUI weisen eine Analogie der Prozessschritte auf und werden in Leserichtung von links nach rechts, die Buttons am Rand der GUI von oben nach unten abgearbeitet. Entsprechende Meldungen weisen auf alle ausgeführten Aktionen hin und müssen vom Gutachter bestätigt werden. Ebenso verhält es sich bei allen Buttons der „VDB“ in der auf Excel basierenden GutTab.

Während der Anwendung in der Routine ergaben sich dennoch Verbesserungsvorschläge, die nach Möglichkeit eingearbeitet werden sollten. Beispielsweise können Treffer angezeigt werden, die eher auf einen Tatzusammenhang als auf eine Kontamination hinweisen. Diese Treffer werden aktuell nicht bestätigt, da sie einer Kontamination im Sinne der „VDB“ nicht entsprechen. Da es in diesen Fällen jedoch ebenso zu einer Übereinstimmung gekommen ist, sollten diese Treffer nicht verworfen, sondern als Treffer im Rahmen eines Tatzusammenhanges (sofern aufgrund der Angaben im Untersuchungsantrag eindeutig von einem Tatzusammenhang auszugehen ist) bestätigt werden und ein entsprechender Vermerk möglich sein.

Ein weiterer Verbesserungsvorschlag ergibt sich aus sehr komplexen Merkmalmischungen. Besonders bei diesen Spuren wird die Softwarelösung „KonS“ zur automatischen Erstellung der Ergebnisse genutzt (Kapitel 4.2). Diese Daten werden anschließend an die „VDB“

übersandt. Jedoch kann es besonders bei komplexen Mischungen vorkommen, dass sich der Gutachter bei der späteren Gesamtschau der Befunde dazu entscheidet, diese Spuren nicht anzugeben. In der Ergebnistabelle finden sich zu dieser Spur somit keine DNA-Merkmale, sondern nur die Bezeichnung „KM“ für komplexe Mischung oder „mbm“ für multiples Bandenmuster. Dieser Fall kann im Verlauf der Fallbearbeitung eintreten, wenn aufgrund der zahlreichen Spurenmitverursacher und somit der Vielzahl in der Mischung vorhandener Merkmale kein aussagekräftiges Ergebnis für diese Spur erwartet werden kann. Die Ergebnisse aus „KonS“ wurden jedoch bereits an die „VDB“ übermittelt und im 2-Wochen-Speicher abgelegt. Demnach kommt es in den nächsten 14 Tagen zu sehr vielen Treffern mit diesen komplexen Mischungen, die allerdings im eigentlichen Gutachten nicht mehr angegeben wurden. Unter diesen Umständen scheint es sinnvoll, Spuren im 2-Wochen-Speicher inaktivieren zu können. Diese Funktionen könnten nachträglich umgesetzt werden.

5.1.4 Vergleich zur Software GenoProof® Mixture 2 (Qualitytype AG)

Im Zuge der Prozessoptimierung spielt das Benchmarking, also der Vergleich von Produkten oder Prozessen anderer Unternehmen, eine wichtige Rolle [Rivière, 2011; Wirtschaftslexikon, 2016]. Um die im Rahmen dieser Arbeit entwickelten Tools im Vergleich zu anderen Softwareprodukten zu bewerten, wurde eine Testversion der Software GenoProof® Mixture 2 der Firma Qualitytype AG herangezogen. Diese Software wird als Komplettlösung für die forensische Gutachtenerstellung kommerziell angeboten und beinhaltet die Rohdatenanalyse, unabhängig von der GeneMapper® ID-X Software bis hin zur Ausgabe der abschließenden Spurengutachten. Darüber hinaus ist mit diesem Softwareprodukt ebenfalls eine Kontaminationskontrolle möglich. Hierfür können Hauptkomponenten einer Spur, Ein-Personen-Profil oder Vergleichsspeichelproben, also die im Rahmen dieser Arbeit als Vergleichsmuster bezeichneten Profile, als Kontaminationskontrolle angelegt werden. Ebenso können Mitarbeiter in dieser Datenbank erfasst werden. Wird anschließend die Analyse der Rohdaten durchgeführt, erfolgt für jede Spur die Anzeige, welche DNA-Systeme mit den gespeicherten Kontaminationskontrollen übereinstimmen. Das Ergebnis für alle untersuchten Systeme wird darüber hinaus in Prozent angegeben (Abb. 38).

Übereinstimmungen			
Verursacher	Markerübereinstimmungen	Anzahl der relevanten Marker	Anzahl der Übereinstimmungen
Kontrolle_2	56%	16	9
Kontrolle_1	50%	16	8

STR-Profil des ausgewählten Prüfgegenstandes			STR-Profil des ausgewählten Verursachers		
Marker	Allele		Marker	Allele	Allel-Übereinstimmungen
AM	X;Y		D10S1248	13;17	50%
D10S1248	13;14		D12S391	21;22	0%
D12S391	15;17		D16S539	11;13	0%
D16S539	12		D18S51	12;16	50%
D18S51	13;16		D19S433	12;14	0%
D19S433	13		D1S1656	13;18.3	0%
D1S1656	11		D21S11	30;32	50%
D21S11	30;32.2		D22S1045	15;16	100%
D22S1045	15;16		D2S1338	18;20	50%

Abb. 38: Ergebnisse der Kontaminationskontrolle an einem Beispiel mithilfe der GenoProof® Mixture 2 Software der Firma Qualitytype AG

Grundsätzlich wird für jede Spur die vorliegende Übereinstimmung zu der entsprechenden Kontaminationskontrolle angezeigt. Eine Einstellung dahingehend, wie viele DNA-Systeme übereinstimmen müssen bzw. wie hoch der prozentuale Anteil der Übereinstimmung sein soll, kann vorgenommen werden. Weiterhin erscheint beim Öffnen einer Spur, in der die DNA-Merkmale eines gespeicherten Profils vorhanden sind, erneut eine Anzeige, die explizit auf diese mögliche Kontamination hinweist. Jedoch ist in der GenoProof® Mixture 2 Software kein temporärer Speicher für die Kontaminationskontrolle angelegt. Dieser wird im Rahmen der „VDB“ als 2-Wochen-Speicher bezeichnet. Sollten im Labor mehrere Spuren parallel bearbeitet und diese anschließend in zwei Läufe auf dem Sequenzer aufgeteilt werden, könnte der Fall eintreten, dass die Läufe an zwei verschiedene Gutachter zur Auswertung gelangen. Der Gutachter des ersten Laufs, auf dem sich eine hochkonzentrierte Blutspur findet, wertet diesen nicht sofort aus. Der Gutachter des zweiten Laufs beginnt hingegen direkt mit der Auswertung. Es wird eine Kontaminationskontrolle durchgeführt - das Ergebnis ist negativ. Zu einem späteren Zeitpunkt wertet der Gutachter den ersten Lauf mit der Blutspur aus. Auch in diesem Fall wäre das Ergebnis der Kontaminationskontrolle mit der GenoProof® Mixture 2 Software negativ. Bei der „VDB“ würde der Abgleich des übersandten Vergleichsmuster der Blutspur mit den Spuren, welche im Rahmen der „VDB“ im 2-Wochen-Speicher hinterlegt sind, erfolgen. Sollte es nun zu einer Kontamination, ausgehend von der Blutspur auf eine Spur im zweiten Lauf gekommen sein, wird dies mit der GenoProof® Mixture 2 Software nicht erkannt, da die Mischungen nicht gespeichert werden, sondern nur nach jedem Rohdatenimport eine Kontaminationskontrolle durchgeführt wird [Qualitype, 2013]. Der Gutachter des zweiten Laufs könnte erneut eine Rohdatenanalyse und somit eine Kontrolle anstoßen, wofür es im normalen Arbeitsalltag jedoch keine Veranlassung gibt. Aus diesem Grund wurde für die „VDB“ der temporäre Speicher/2-Wochen-Speicher entwickelt, dessen Speicherzeitraum variabel einstellbar ist. Somit kann die in diesem Szenario beschriebene Kontamination mithilfe der „VDB“ sicher erkannt werden. Besonders im Rahmen großer Institute oder Ämter, in denen viele Gutachter tätig sind, muss eine Kontaminationskontrolle gewährleisten können, dass alle Spuren, unabhängig ihrer zeitlichen Reihenfolge der Bearbeitung, gegeneinander abgeglichen werden. Darüber hinaus werden mit der entwickelten „VDB“ Vergleichsmuster und Spuren innerhalb eines Laufes gegeneinander abgeglichen. Dieser Abgleich wird ebenfalls von der GenoProof® Mixture 2 Software durchgeführt.

Die im Rahmen dieser Arbeit entwickelte „VDB“ richtet sich im Vergleich zur GenoProof® Mixture 2 Software der Firma Qualitype AG nach den Anforderungen der Untersuchungsstellen und garantiert nicht nur die Aufdeckung von Mitarbeiter-Spur-, sondern ebenso von Spur-Spur-Kontaminationen unabhängig der zeitlich chronologischen Bearbeitung auf Seiten des Gutachters.

5.1.5 Fazit „VDB“

Aufgrund der Entwicklung der forensischen DNA-Analyse in den letzten Jahren, hat sich die Sensitivität der Untersuchungsmethoden stetig erhöht (Kapitel 1). Dies führt jedoch dazu, dass inzwischen bereits kleinste DNA-Mengen einer Person ausreichen, um eine Spur zu kontaminieren [Gill und Kirkham, 2004; van Oorschot et al., 2010]. Ziel dieser Arbeit war es

demnach ein detailliertes Konzept einschließlich einer ausführlichen Anforderungsbeschreibung für eine Datenbank zur Kontaminationskontrolle zu erarbeiten. Anhand dieses Konzeptes konnte die „VDB“ programmiert werden. Abschließend wurde die Datenbank im Rahmen dieser Arbeit validiert und in den vorliegenden Workflow integriert. Demnach ist die Erkennung von Mitarbeiter-Spur-Kontaminationen im Institut für Rechtsmedizin München nun in einem umfangreichen Ausmaß möglich. Weiterhin können mit der „VDB“ im Institut für Rechtsmedizin München erstmalig Spur-Spur-Kontaminationen aufgedeckt werden. Eine Qualitätssteigerung bzgl. der abschließenden Gutachten konnte dadurch erzielt werden - die Ergebnisse können nach bestem Wissen und Gewissen angegeben werden.

Weiterhin resultiert aus solchen Datenbanken auch eine Senkung der Kosten innerhalb der Strafverfolgungsbehörden. Bei Tatortspuren bzw. DNA-Profilen, die innerhalb eines Falles keiner Person zugeordnet werden konnten, werden oftmals viele weitere als Spurenverursacher in Frage kommende Personen untersucht. Dies kann einen enormen Arbeits- und Zeitaufwand sowie entsprechend hohe Kosten für die Untersuchungen nach sich ziehen. Wie im Beispiel des „Phantoms von Heilbronn“ [Neuhuber et al., 2009; Primorac und Schanfield, 2014] wurden über 2 Millionen Euro [Pearson et al., 2010] in die Aufklärung der unbekannten Tatortspuren investiert, die schlussendlich von einer Mitarbeiterin der Herstellerfirma der genutzten Wattestäbchen stammten. Auch die in Kanada eingerichtete Mitarbeiter-Datenbank konnte solche Fälle aufzeigen. Ein unabhängiges forensisches Labor (Laboratoire de sciences judiciaires et de médecine légale, LSJML) in Québec hat 2010 damit begonnen eine interne Mitarbeiter-Datenbank einzurichten [Lapointe et al., 2015]. Dort wurden die DNA-Profile von 327 Mitarbeitern (Spurensicherer, Polizeibeamte und Labormitarbeiter) in der Datenbank hinterlegt, wobei 46 dieser Profile bereits mit 58 ungeklärten Tatortspuren übereinstimmten. Lapointe et al. beschreibt mehrere solcher Fälle, bei denen ungeklärte Tatortspuren, zum Teil nach Jahren, mithilfe der eingeführten Datenbank berechtigten Personen zugeordnet werden konnten [Lapointe et al., 2015]. Auch wenn mit der Datenbank des LSJML ausschließlich Mitarbeiter-Spur- und keine Spur-Spur-Kontaminationen erkannt werden können, zeigt dieses Beispiel dennoch, dass solche Vergleichsdatenbanken inzwischen zwingend erforderlich sind. Ebenso zeigt eine aktuelle Publikation des Bundeskriminalamt (BKA), dass in einem Fall mit ca. 1.200 Spurenprofilen ungefähr 110 Kontaminationen berechtigten Personen zugeordnet werden konnten [Andrä und Bastisch, 2015]. Würden diese Kontaminationen unerkannt bleiben, könnte es beispielsweise zum Verlust bzw. der Minimierung des Beweiswertes einer Spur oder gar falschen Ermittlungsansätzen kommen. Aus diesem Grund beschäftigt sich das BKA ebenfalls mit der Einrichtung einer DNA-Internreferenzdatei (DNA-IRD) [Andrä und Bastisch, 2015]. Auch Kloosterman et al. beschreiben in ihrer Publikation, in der es um die Fehlerraten innerhalb der forensischen DNA-Analyse geht, dass aufgrund der Ausweitung der Kontaminationsdatenbank nun wesentlich mehr Kontaminationen aufgedeckt werden konnten. Die Anzahl der erkannten Kontaminationen stieg von 72 im Jahr 2010 auf 158 im Jahr 2011 [Kloosterman et al., 2014]. Darin enthalten sind Mitarbeiter-Spur- sowie Spur-Spur-Kontaminationen. Innerhalb dieser zwei betrachteten Jahre ist zwar die Anzahl der Analysen aufgrund der verbesserten Sensitivität der Methoden gestiegen (89.977 in 2010 im Vergleich zu 100.407 Analysen im Jahr 2011), jedoch hat sich auch die Anzahl der erkannten Kontaminationen erhöht (0,08% auf 0,15%).

Mithilfe der „VDB“ kann somit die Qualität der Gutachten gesteigert werden, da eine unbeschränkte Anzahl an Vergleichsmuster für den Mitarbeiter-Spur-Abgleich gespeichert und Spur-Spur-Kontaminationen erstmalig erkannt werden können. Der aufzuwendende Arbeitszeiteinsatz für die Bewertung der angezeigten möglichen Kontaminationen konnte minimiert werden (keine falsch positiven Treffer mehr) und die Kosten für die Suche nach einem unbekannten Spurenverursacher, der sich später eventuell als Mitarbeiter oder eine verwechselte Probe herausstellt, können umgangen werden.

5.2 Usability von „KonS“

In der forensischen DNA-Analyse werden von den vorliegenden Tatortspuren in der Regel unabhängige Doppelbestimmungen durchgeführt. Die Ergebnisse beider Untersuchungen müssen anschließend vom Gutachter bewertet werden. Dabei wird festgestellt, welche Allele reproduzierbar detektiert werden konnten; nichtreproduzierbare Merkmale werden entsprechend gekennzeichnet. Darüber hinaus erfolgt meist die manuelle Wertung der einzelnen Signalintensitäten der detektierten Merkmale. Besonders in Fällen, die aus mehreren (auch bis zu Hunderten von) Spuren bestehen, ist die Bewertung von zwei oder mehr Bestimmungen ein und derselben Spur, einschließlich der Beurteilung der Peakhöhen, manuell kaum mehr durchführbar bzw. enorm fehleranfällig und arbeitsaufwendig. Darüber hinaus haben sich die Diskriminierungs- und Aussagekraft sowie die Menge der Daten und somit deren Bearbeitungszeit im Vergleich zum anfänglichen Umfang der forensischen DNA-Analyse deutlich erhöht [Brodersen et al., 2003]. Um darüber hinaus eine subjektive Beeinflussung durch den Gutachter auszuschließen und eine objektive sowie einheitliche Bewertung der Spuren zu gewährleisten, wurde die Software „KonS“ entwickelt und somit die Erstellung der Ergebnisse automatisiert. Mithilfe dieses Produktes kann eine Auswertung der DNA-Profile einer Spur aus mehreren unabhängigen Bestimmungen, unabhängig von den genutzten Kits, automatisiert erfolgen. Darüber hinaus bietet dieses Werkzeug die Möglichkeit, zwei verschiedene Arten von Ansätzen (Konsensus- sowie Composite-Ansatz) zu erzeugen, die der Gutachter miteinander vergleichen und bewerten kann.

5.2.1 Effektivität von „KonS“

Mit der Software „KonS“ ist es möglich, die Ergebnisse aus mehreren Bestimmungen gemäß dem Konsensus-Ansatz zu verarbeiten und eine entsprechende Ergebnistabelle zu generieren. Die Bewertung der einzelnen Bestimmungen sowie deren Zusammenfassung ist nach dem Konsensus-Ansatz - bei gleichem ABL - immer einheitlich. Die Software wurde ausführlich validiert - die Ergebnistabellen werden jederzeit korrekt ausgegeben (Kapitel 4.2.3). Auch ist die Erstellung nach dem Konsensus-Ansatz aus mehr als zwei Bestimmungen stets vollständig und exakt. Eine entsprechend große Arbeitserleichterung, besonders bei komplexen Fällen mit sehr vielen Tatortspuren, ist durch die Softwarelösung „KonS“ klar erkennbar.

Darüber hinaus ist mit dieser neu entwickelten Software die Erstellung der Ergebnisse nach dem Composite-Ansatz möglich. Diese Methode wird in der Routine aktuell nicht angewandt. Da zurzeit allerdings keine nationale bzw. internationale Einigung bzgl. der Auswertung der Analyseergebnisse existiert, sollte keine Festlegung auf eine der beiden Vorgehensweisen erfolgen. Beide Ansätze werden jederzeit ausgegeben und können bei Bedarf durch den

Gutachter miteinander verglichen werden. Auch die Auswertung nach dem Composite-Ansatz wurde ausführlich validiert und lieferte jederzeit korrekte, objektive und - bei gleichem ABL - identische Ergebnisse.

Um die manuelle Ergebniserstellung mit der automatisierten Ergebniserstellung zu vergleichen, wurden 500 Spuren betrachtet. Die Analyse der Daten erfolgte bei der Erst- sowie der Zweitbestimmung mit dem Kit Powerplex® ESX 17 System der Firma Promega. Die Ergebnistabellen dieser 500 Spuren wurden manuell vom Erstgutachter erstellt und vom Zweitgutachter kontrolliert. Anschließend wurden die vom Zweitgutachter angestrichenen Fehler sowie Anmerkungen zu den Ergebnissen ausgezählt. Dabei wurden jedoch nur solche Fehler und Anmerkungen berücksichtigt, die durch die Anwendung des Softwareproduktes „KonS“ grundsätzlich hätten vermieden werden können. Dies betrifft zunächst Schreibfehler, wie zum Beispiel „5“ statt „15“, vergessene Klammern (15 / (16) oder auch vergessene Leerzeichen (15)/ (16). Besonders die nicht logische Kammersetzung und das Fehlen des Leerzeichens in den angeführten Beispielen führen im weiteren Verlauf der Bearbeitung der Ergebnistabellen mit der Software „TCol“ zu Fehlermeldungen, da diese Software eine eindeutige Kammersetzung sowie Leerzeichen an definierten Stellen erwartet. Darüber hinaus kann es bei der manuellen Zusammenfassung der Ergebnisse zur Vertauschung der DNA-Systeme bei Erst- und Zweitbestimmung kommen, was besonders bei der Verwendung zweier verschiedener Kits gehäuft auftreten kann. Dies führt dementsprechend zu Korrekturen durch den Zweitgutachter. Des Weiteren können bei der manuellen Bearbeitung Merkmale und/oder Zusatzbanden vergessen werden. Darüber hinaus ist die manuelle Bewertung der Ergebnisse hinsichtlich der Einordnung von Haupt- und Nebenkomponente auf der Grundlage der Peakhöhen eine z.T. subjektive Entscheidung des Erstgutachters. Hier kann es zu Differenzen zwischen Erst- und Zweitgutachter kommen, die entsprechend angemerkt und diskutiert werden müssen. Bei den betrachteten 500 Spuren traten insgesamt 70 der oben aufgeführten Fehler auf, die mithilfe der Software „KonS“ grundsätzlich vermieden werden können. Bei der Anwendung von „KonS“ werden die Merkmale immer korrekt angegeben, die Klammern werden exakt gesetzt und an den entsprechenden Stellen werden die Leerzeichen eingefügt. Darüber hinaus werden die DNA-Systeme von der Software zunächst überprüft und sortiert. So werden immer die korrekten Systeme zusammengefasst und eine Vertauschung ist nicht möglich. Des Weiteren werden alle in der vom GeneMapper® erzeugten Reportdatei aufgeführten Merkmale verarbeitet und in der Ergebnistabelle als Merkmal bzw. Zusatzbande dargestellt. Weiterhin wird die Zuordnung von Haupt- und Nebenkomponente anhand der Peakhöhen immer aufgrund des voreingestellten ABL (Kapitel 3.2.2) durchgeführt. Somit erfolgt die in der DNA-Abteilung des Instituts für Rechtsmedizin München angewandte Kammersetzung jederzeit auf der Grundlage objektiver und dauerhaft nachvollziehbarer Parameter.

Darüber hinaus steigt die Anzahl der Fehler bei der manuellen Bearbeitung, wenn statt zwei Bestimmungen drei oder noch mehr Analysen einer Spur vorliegen. Die Anzahl der Bestimmungen spielt für die Software jedoch keine Rolle. Nach der in der Tabelle 8 (Kapitel 3.2.3) beschriebenen Logik führt „KonS“ die Kammersetzung sowie das Einfügen von Zusatzbanden bzw. nichtreproduzierbaren Merkmalen in eckigen Klammern automatisiert und definiert durch. Demzufolge können die bereits beschriebenen Fehler durch die Anwendung

der Softwarelösung „KonS“ vollständig vermieden werden, wodurch die Qualität der Ergebnistabelle und somit des abschließenden Gutachtens deutlich gesteigert werden kann.

Weiterhin wurde bei der Vorbereitung auf eine Gerichtsverhandlung eine weitere Fehlerquelle bei der Ergebniserstellung deutlich. In diesem Fall wurde für die Erstbestimmung der Powerplex® ESX 17 System Kit der Firma Promega verwendet. Für die unabhängige Doppelbestimmung wurde der AmpF/STR® NGM SElect™ Kit der Firma Thermo Fisher Scientific genutzt, weshalb sich die Anordnung der DNA-Systeme innerhalb der Elektropherogramme erheblich unterscheidet (Tabelle 14 und Tabelle 15, Kapitel 7.2). Die Ergebnistabelle wurde vom Erstgutachter nach dem Konsensus-Ansatz manuell erstellt, die Korrektur der Tabelle wurde vom Zweitgutachter durchgeführt. In Vorbereitung auf die Verhandlung wurde die Ergebnistabelle erneut ausführlich betrachtet. Dabei fanden sich z.B. bei 50 Spuren noch immer 58 Fehler, die bei der Korrektur durch den Zweitgutachter nicht erkannt wurden. Bei diesen Fehlern handelt es sich im Besonderen um Vertauschungen der DNA-Systeme. Aufgrund der unterschiedlichen Kits ändert sich die Anordnung der DNA-Systeme innerhalb eines Elektropherogramms, was es dem Gutachter demnach besonders schwer macht, diese auszuwerten. Aus diesem Grund ist eine Automatisierung an dieser Stelle der Befundinterpretation außerordentlich hilfreich.

Gemäß der DIN EN ISO 9241-11 ist die Effektivität des neu entwickelten Softwareproduktes erheblich. Es handelt sich bei der Software „KonS“ somit um ein äußerst wertvolles Tool zur automatisierten Auswertung von Analyseergebnissen.

5.2.2 Effizienz von „KonS“

Vor der Integration der Software in die Routine wurden alle Gutachter entsprechend geschult bzw. ein detailliertes Handbuch erstellt. Die Erzeugung der Exportdatei im GeneMapper® stellt für die Gutachter keinen Aufwand dar. Der Import der erstellten Reportdatei erfolgt über standardisierte Benutzeroberflächen, die Bedienung von „KonS“ ist einfach und übersichtlich, da bis auf die Einstellung des „ABL“ keine weiteren Parameter vom Gutachter angepasst werden müssen. Die Buttons sind aufgrund ihrer Beschriftung selbsterklärend, die Handhabung ist intuitiv. Auch aus diesem Grund ergibt sich durch die Nutzung der Software eine erhebliche Zeitersparnis bei der Erstellung der Analyseergebnisse. Ganz allgemein verkürzt sich die Bearbeitungszeit bei einem Fall mit 30 Spuren unterschiedlicher Komplexität von ca. 45min auf nur noch 5min. Besonders außerordentlich ist die Zeitersparnis bei sehr komplexen Fällen mit z.B. 100 Spuren. Je nach Komplexität der Spuren kann die manuelle Erstellung der Ergebnistabelle mehrere Stunden in Anspruch nehmen. Mithilfe von „KonS“ ist dies innerhalb weniger Minuten möglich. Zwar müssen die Ergebnisse vom Gutachter überprüft werden - trotz allem ist die Zeitersparnis bei diesem Arbeitsschritt beträchtlich.

5.2.3 Zufriedenstellung von „KonS“

In Anbetracht der Tatsache, dass bereits bei sehr wenigen (z.T. weniger als fünf) Spuren pro Fall die Software „KonS“ genutzt wird, zeigt wie zufrieden die Gutachter mit diesem Softwareprodukt sind. Die Erstellung der Ergebnistabellen nimmt weniger Zeit in Anspruch, die Fehleranfälligkeit ist geringer. Bereits in den ersten drei Monaten nach Einführung der Softwarelösung wurde dieses fast 500 Mal verwendet. Daraus ergibt sich, dass dieses

Softwareprodukt an ca. 60 Arbeitstagen demnach für mindestens acht Fälle pro Tag genutzt wird. Ein regelmäßiger Einsatz des entwickelten Tools ist deutlich erkennbar.

Da die konzeptionelle Entwicklung dieses Produktes in ständigem Bezug zur Routinearbeit erfolgte, war eine Anpassung an die in der Abteilung vorliegenden Arbeitsbedingungen und -abläufe jederzeit und problemlos möglich. Ein ausgereiftes Softwareprodukt, das ausführlich validiert wurde, konnte in die Routine integriert werden. Beschwerden bzgl. der Handhabung oder der Vorgehensweise ergaben sich nicht.

5.2.4 Vergleich zur Software GenoProof® Mixture 2 (Qualitytype AG)

Im Rahmen des Benchmarkings wird die Software „KonS“ mit dem kommerziell verfügbaren Tool GenoProof® Mixture 2 der Firma Qualitytype AG verglichen. Die Software GenoProof® Mixture 2 ermöglicht es, aus einer Merkmalmischung automatisch einen Hauptspurenverursacher abzuleiten. Diese Funktion liefert allerdings erst bei einem Peakhöhenverhältnis von 5:1 für Haupt- und Nebenbestandteile einer Spur aussagekräftige Ergebnisse [Qualitytype, 2013]. Im Vergleich dazu hält die Spurenkommission die Ableitung einer Hauptkomponente bereits ab einem vorliegenden Peakhöhenverhältnis von 4:1 für Haupt- und Nebenkomponente für möglich [Schneider et al., 2006]. Allerdings erfolgt die automatische Erstellung eines Hauptspurenverursachers bei der GenoProof® Software nur aus einer Bestimmung heraus. Dies ist ggf. möglich, wenn eine Hauptkomponente mit nur sehr geringem Anteil einer Nebenkomponente vorliegt. Bei komplexeren Spuren ist die Ableitung einer Hauptkomponente, ggf. auch nur eines partiellen Musters, nur unter Betrachtung aller Bestimmungen dieser Spur möglich. Bei dem Großteil der Spuren muss die Ableitung der Hauptkomponente somit weiterhin manuell erfolgen. Darüber hinaus kann mithilfe der GenoProof® Software eine virtuelle Spur erzeugt werden. Mit dieser Funktion können die DNA-Profile mehrerer Vergleichsmuster in einer Spur zusammengeführt werden. Dadurch kann das Mischungsverhältnis dieser Profile verändert und ggf. mit einer vorliegenden Mischspur verglichen werden. Jedoch ist es mit der GenoProof® Software nicht möglich, mehrere Bestimmungen einer Spur in einem Ergebnis zusammenzufassen. Demnach ist auch keine Bewertung nach dem Konsensus- oder Composite-Ansatz möglich. Die Ergebnisse der Analysen müssen manuell zusammengestellt werden. Demzufolge wurde mit der Software „KonS“ ein innovatives Produkt entwickelt, welches den Gutachter bei der Auswertung der erhaltenen Daten zielgerichtet unterstützt und darüber hinaus die Fehleranfälligkeit dieses Arbeitsschrittes erheblich reduziert.

5.2.5 Fazit „KonS“

Abhängig davon, welche Interpretationsmethode (Konsensus- vs. Composite-Ansatz) bei der Zusammenfassung der Analyseergebnisse genutzt wird, kann dies Auswirkungen auf den Beweiswert einer Spur haben. Für die Bewertung von Ein-Personen-Profilen sowie Merkmalmischungen in denen sich die Merkmale einer Person vollständig reproduzierbar darstellen lassen, wurden in den letzten Jahren anerkannte Standards für die biostatistische Bewertung entwickelt [Schneider et al., 2006]. Dagegen steht die Bewertung unvollständiger Profile bzw. komplexer Mischungen im Fokus vieler Diskussionen. Besonders in Bezug auf die biostatistische Beurteilung von „Allelic Drop Out“ (die Merkmale einer Person finden sich in keiner der Bestimmungen einer Spur) wurden verschiedene mathematische Modelle

entwickelt, die eine adäquate Würdigung des Beweiswertes, auch von unvollständigen Profilen, ermöglichen sollen. Während das grundsätzliche Konzept all dieser Ansätze sehr ähnlich ist, ergeben sich jedoch deutliche Unterschiede in der Umsetzung bzw. in den für die Berechnungen entwickelten Algorithmen. So wurde beispielsweise das Softwareprodukt „Forensim“ [Haned et al., 2012] auf der Grundlage der von Gill et al. beschriebenen Software „LoComatioN“ entwickelt [Gill et al., 2007]. Mit dieser Softwarelösung werden biostatistische Berechnungen von unvollständigen Profilen aufgrund der vom Anwender eingegebenen labor- bzw. kitspezifischen „Allelic Drop Out“- und „Drop In“-Raten durchgeführt. Im Gegensatz dazu werden bei dem Tool „FST“ (Forensic Statistic Tool, [Mitchell et al., 2012]) eben diese Raten einheitlich geschätzt und vorgegeben. Mit dem Softwareprodukt „TrueAllele“ [Perlin et al., 2011] können darüber hinaus auch Verwandtschaftsverhältnisse bewertet werden. Bei dem Modell von Cowell et al. [Cowell et al., 2011], auf welchem die Software „DNAmixtures“ basiert, werden biostatistische Berechnungen jedoch grundsätzlich nur mit unverwandten Spurenverursachern durchgeführt. Auch fließt eine Berücksichtigung von „Drop In“-Ereignissen bei dieser Softwarelösung nicht mit in die Berechnung ein. Somit ergeben sich bei gleicher Fragestellung abhängig von der Wahl der Software und der zugrundeliegenden Parameter unterschiedliche Ergebnisse [Steele und Balding, 2014].

Abhängig von den bereits beschriebenen Kriterien (Reagenzien von verschiedenen oder vom gleichen Hersteller nutzen, die Erhöhung der Zyklenzahl bei der Amplifikation sowie die Wahl zwischen dem Konsensus- und dem Composite-Ansatz) kann sich die biostatistische Aussagekraft einer Spur grundlegend ändern, was schlussendlich einen Einfluss auf die Beweiskraft der untersuchten Tatortspur hat [Pfeifer et al., 2012]. Beim Konsensus-Ansatz werden ausschließlich die reproduzierbaren Merkmale angegeben und nur diese werden in der darauffolgenden biostatistischen Beurteilung berücksichtigt. Nichtreproduzierbare Merkmale werden in der abschließenden Ergebnistabelle entsprechend gekennzeichnet oder als Zusatzbanden angegeben. Tritt demnach das Merkmal eines Tatverdächtigen innerhalb eines DNA-Systems in beiden Bestimmungen auf, kann diese Person - bezogen auf dieses System - als Mitverursacher angegeben werden. Konnte das Merkmal nur in einer der beiden Bestimmungen nachgewiesen werden, kann diese Aussage nur unter der Voraussetzung der Einbeziehung von Zusatzbanden getroffen werden. Eine entsprechende biostatistische Bewertung ist nach den internen Vorgaben der jeweiligen Untersuchungsstelle möglich. Jedoch können bei der Anwendung des Konsensus-Ansatzes Artefakte von reproduzierbaren Merkmalen abgegrenzt werden. Beim Composite-Ansatz werden hingegen alle Merkmale in die Ergebnistabelle aufgenommen, unabhängig davon, ob sie reproduzierbar oder nichtreproduzierbar auftraten. Tritt demnach das Merkmal des Tatverdächtigen nur in einer Bestimmung auf, wird es ebenfalls in der Ergebnistabelle aufgeführt und fließt in die biostatistische Beurteilung ein. Da jedoch ggf. auch Artefakte im abschließenden Ergebnis mit aufgeführt werden, erhöht sich die Anzahl der Merkmale innerhalb der Spur. Demzufolge steigt die Anzahl der Personen, die notwendig sind, um die Merkmalmischung zu erklären. Schlussendlich kann diese Vorgehensweise Auswirkungen auf die biostatistische Aussagekraft und somit den Beweiswert einer Spur haben.

Verschiedene Studien zu diesem Thema wurden bereits publiziert. So haben sich Pfeifer et al. mit der Frage nach dem genutzten Kit sowie dem Bewertungsansatz beschäftigt [Pfeifer et al.,

2012]. Dort wurden sechs mit ihrem DNA-Profil bekannte Personen untersucht. Aus diesen DNA-Proben wurden zehn verschiedene Mischungen hergestellt. Die erzeugten Mischspuren wurden anschließend unterschiedlich bearbeitet. Zum Teil wurde mit unterschiedlichen Zyklenzahlen bei der PCR oder aber Änderungen der Injektionszeiten bei der Kapillarelektrophorese gearbeitet. Da die DNA-Profile der Personen bekannt war, konnte in den Mischungen festgestellt werden, ob alle Merkmale dieser Personen detektiert werden konnten oder ob es zu „Drop Out“- und/oder „Drop In“-Ereignissen kam. Die Untersuchungen wurden einerseits mit dem gleichen Kit und andererseits mit unterschiedlichen Kits durchgeführt. Anschließend wurden die verschiedenen Bestimmungen nach dem Konsensus- sowie dem Composite-Ansatz bewertet. Daraus resultierten bei Pfeifer et al. vollständigere DNA-Profile der Mischspuren unter Anwendung des Composite-Ansatzes. Besonders bei nur zwei durchgeführten Bestimmungen erhöhte sich die Aussagekraft des Composite-Ansatzes - jeweils im Vergleich zum Konsensus-Ansatz. Pfeifer et al. weisen jedoch vor allem auf die Bracket-Methode von Bekaert et al. hin [Bekaert et al., 2012], in welcher zwar alle detektierten Merkmale - wie im Composite-Ansatz - angegeben werden, jedoch aufgrund der unterschiedlichen Klammersetzung der Merkmale eindeutig erkennbar ist, welche Merkmale nichtreproduzierbar auftraten. Beispielsweise nutzt Bekaert et al. runde sowie eckige Klammern und vergibt Sternchen je nach Auftreten des Merkmals [Bekaert et al., 2012]. Allerdings bleibt dennoch die Frage offen, welche Merkmale bei einer biostatistischen Beurteilung der Spur einbezogen werden sollten.

Auch in anderen Studien wird die Bewertung nach dem Konsensus- und dem Composite-Ansatz diskutiert. So beschreibt zum Beispiel Cowen et al. [Cowen et al., 2011], dass sie insgesamt 380 bekannte DNA-Profile betrachtet und das Auftreten von „Drop In“-Ereignissen bewertet haben. Im Vergleich zum in der Routine eingesetzten Verfahren, wurden in einem zusätzlichen Schritt die erhaltenen Amplifikate aufgereinigt, wodurch aussagekräftigere Ergebnisse erzielt werden sollten. Schlussendlich wird in dieser Studie der Einsatz des Konsensus-Ansatzes, besonders nach Aufreinigung der Amplifikate, empfohlen [Cowen et al., 2011]. Aus der Publikation von Bright et al. [Bright et al., 2012] geht jedoch hervor, dass aktuell der Composite-Ansatz ein vollständigeres Bild der Profile erwartet lässt. Jedoch wird ganz grundsätzlich die Nutzung von Softwareprodukten empfohlen, die die Wahrscheinlichkeiten von „Drop Out“- und „Drop In“-Ereignissen mit einbezieht [Bright et al., 2012]. Hingegen erzielten Benschop et al. bessere Ergebnisse bei der Anwendung des Konsensus-Ansatzes [Benschop et al., 2011]. Jedoch haben Cowen et al., Bright et al. und Benschop et al. keine Untersuchung dahingehend durchgeführt, ob für die unterschiedlichen Bestimmungen jeweils der gleiche Kit oder zwei verschiedene Kits genutzt werden sollten.

Solche Studien wären in einem großen Umfang durchaus geeignet, um Erfahrungswerte in diesem Bereich zu sammeln. Beispielsweise könnten mit der Software „KonS“ die Ergebnisse aus zwei oder auch mehr Bestimmungen einer Spur zusammengefasst werden. Dabei wäre es möglich, Untersuchungen hinsichtlich der Vollständigkeit der DNA-Profile durchzuführen, wenn für die Analysen gleiche oder unterschiedliche Kits genutzt werden. Auch könnten solche Untersuchungen dahingehend aufgebaut werden, wie sich die Aussagekraft bei abnehmender DNA-Menge entwickelt und wie sich dies auf den Beweiswert einer Spur auswirken könnte. Nach der Durchführung der verschiedenen Analysen könnten die

Ergebnisse schnell, objektiv und fehlerfrei mithilfe der Software „KonS“ zusammengefasst und vom Gutachter miteinander verglichen werden. Gegebenenfalls könnten auf dieser Grundlage auch Empfehlungen zur Bewertung von DNA-Spuren hinsichtlich der Nutzung der Reagenzien sowie dessen Einfluss auf die biostatistische Aussagekraft entwickelt werden.

Weiterhin wurde mit der Software „KonS“ der besonders fehleranfällige Medienbruch bei der manuellen Erstellung der Ergebnistabelle beseitigt. Dabei betrachtete der Gutachter die ausgedruckten Elektropherogramme der Spuren und erstellte die Ergebnistabelle manuell in einer neuen Datei. Kloosterman et al. zeigen im Rahmen ihrer Fehleranalyse im NFI (Netherlands Forensic Institute), dass der größte Teil der in ihrem Institut aufgetretenen Fehler auf menschliche Fehler zurückzuführen sind. Dies bezieht sich im Besonderen auf Schreibfehler innerhalb der Gutachtenerstellung [Kloosterman et al., 2014]. Aufgrund der automatisch erzeugten Ergebnistabelle mithilfe der Softwarelösung „KonS“ wird der oben beschriebene Medienbruch umgangen, die Konsistenz der Daten kann gewährleistet werden und Fehler bei der manuellen Bearbeitung können verhindert werden.

Ebenso beschleunigt sich die Gutachtenerstellung aufgrund der schnelleren Ergebniserstellung, was weitere positive Auswirkungen haben kann. Die Anzahl der pro Gutachter bearbeiteten Fälle kann gesteigert und der Umsatz der Abteilung dadurch erhöht werden, weshalb auch in anderen kriminaltechnischen und rechtsmedizinischen Instituten an ähnlichen Softwareprodukten gearbeitet wird. Beispielsweise entwickelt das LKA Berlin im Rahmen eines internationalen Projekts aktuell die Software „eDNA“ [Haldemann et al., 2015]. Dabei handelt es sich ebenfalls um ein Softwareprodukt, mit dem die Auswertung forensischer DNA-Analysen effektiver und effizienter erfolgen soll. Beabsichtigt sind die Bewertung sowie der Vergleich von DNA-Profilen, diverse Import- und Export-Funktionen als auch die automatische Gutachtenerstellung inklusive der Ergebnistabellen sowie die verbale Spurenbeurteilung mithilfe von Textbausteinen. Da auch Länder wie Spanien, Österreich und Belgien an dem Projekt beteiligt sind, sollen auch unterschiedliche Sprachen sowie regionale Einstellungen berücksichtigt werden. Ab 2016 soll die eDNA-Software frei verfügbar sein [Haldemann et al., 2015]. Mithilfe solcher Softwarelösungen gelangen die Ergebnisse der forensischen DNA-Analyse wesentlich schneller zurück an die auftraggebenden Dienststellen, was entsprechenden Einfluss auf die darauf aufbauende Strafverfolgung hat. Die Software „KonS“ hat somit überaus positive Auswirkungen auf die Gutachtenerstellung in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München.

Aufgrund des gestiegenen Untersuchungsaufkommens (Kapitel 1) sind Unterstützungstools für die Bewertung der vorliegenden Datenmengen inzwischen zwingend erforderlich geworden. Ziel dieser Arbeit war es demnach ein ausführliches Konzept (Anforderungsbeschreibung, Datenstruktur, Datenimport und Design) für ein Unterstützungstool zu erarbeiten, welche die Ergebnisse mehrerer Bestimmungen einer Spur automatisiert zusammenfasst. Auf dieser Vorgabe konnte die Software „KonS“ extern programmiert werden. Innerhalb dieser Arbeit wurde die Software anschließend validiert und in den vorliegenden Workflow integriert. Da die Software nach einer genau definierten Logik arbeitet und die Daten vorab auf Fehler überprüft, können die im Rahmen der manuellen Bearbeitung aufgetretenen Fehler vermieden werden - bei 500 betrachteten Spuren traten aufgrund der manuellen Bearbeitung 70 Fehler auf, die mithilfe des Tools „KonS“ nicht auftreten können. Eine

Qualitätssteigerung bezogen auf die abschließenden Gutachten kann demnach verzeichnet werden. Des Weiteren kann eine enorme Zeitersparnis bei der Erstellung der Ergebnistabellen beobachtet werden. Statt 45min für die manuelle Bearbeitung von ca. 30 Spuren, benötigt der Gutachter nun maximal 5min für die gleiche Arbeit. Aufgrund der schnelleren Bearbeitung mit der Software „KonS“ können mehr Fälle pro Gutachter bearbeitet werden, was den Durchsatz und somit den Umsatz in der DNA-Abteilung erhöht und in einer schnelleren Ergebnisübermittlung an die zuständigen Polizeidienststellen mündet - ein ebenso positiver Effekt für die Auftraggeber ist demnach erkennbar. Auch sinken die Kosten für die Dauer der Bearbeitung durch den Einsatz von Unterstützungstools, was weitere Vorteile für die Strafverfolgungsbehörden nach sich zieht.

5.3 Usability von „TCol“

Bei der Bewertung von biologischem Spurenmaterial steht immer wieder die Frage im Raum, ob eine Person als Verursacher bzw. Mitverursacher einer Tatortspur in Frage kommt oder auszuschließen ist. Demnach müssen Identifizierungsmuster von Personen bzw. DNA-Merkmale von Spuren, die von einer Person verursacht wurden oder aus denen eine Hauptkomponente abgeleitet werden konnte, mit den DNA-Merkmalen der vorliegenden Tatortspuren (oft komplexe Mischspuren) abgeglichen werden. Dieser Abgleich der einzelnen Datensätze untereinander wird in der Regel manuell durchgeführt, evtl. Übereinstimmungen müssen gutachterlich bewertet werden. Die rein verbale Interpretation der Befunde ist jedoch, gerade für Polizei, Staatsanwaltschaft und Gericht sowie im Besonderen bei umfangreichen Fällen sehr komplex und wenig überschaubar. Aus diesem Grund wurden in der DNA-Abteilung, zur übersichtlicheren Darstellung der tabellarischen Ergebnisse im Gutachten, die in der Mischung sowie im Einzelmuster übereinstimmenden DNA-Merkmale manuell farblich hinterlegt. Um diese Arbeitsschritte zukünftig automatisiert ausführen zu können, wurde die Softwarelösung „TCol“ entwickelt. Da aktuell keine ähnlichen Softwareprodukte bzw. entsprechende Publikationen verfügbar sind, wurde ein eigens entwickeltes Konzept erstellt und umgesetzt. Mithilfe dieses Tools ist es nun möglich den zuvor beschriebenen Abgleich zwischen DNA-Identifizierungsmustern von Personen bzw. Hauptkomponenten und den vorliegenden Tatortspuren sowie eine entsprechende farbliche Markierung automatisiert durchführen zu lassen. Nach der beschriebenen Weiterentwicklung von „TCol“ kann zunächst der Abgleich und erst im Anschluss daran die Farbzuzuweisung vorgenommen werden.

5.3.1 Effektivität von „TCol“

Die Software „TCol“ wurde im Rahmen dieser Arbeit entwickelt und ausführlich validiert (Kapitel 4.3.3). Mithilfe dieses Softwareproduktes erfolgt der Abgleich sowie die sich daran anschließende farbliche Markierung der Merkmale immer vollständig und korrekt. Das Tool liefert, bei Anwendung gleicher Parameter in der Drop Out-Tabelle (Abb. 37, Kapitel 4.3.1) jederzeit reproduzierbar gleiche Ergebnisse. Darüber hinaus spielt die Menge der abzugleichenden Daten für „TCol“ keine Rolle. Bei der manuellen Bewertung hingegen wird die Bearbeitung besonders bei zunehmender Datenmenge fehleranfälliger.

Die Arbeitsschritte, die durch die Softwarelösung „TCol“ übernommen werden, können zuverlässiger und somit effektiver ausgeführt werden. Eine deutliche Arbeitserleichterung ist erkennbar.

5.3.2 Effizienz von „TCol“

Für die Bewertung der Effizienz wurde die Zeit, die der Gutachter für den Abgleich und die farbliche Markierung innerhalb eines Falls benötigt, gemessen. Die betrachteten Fälle unterscheiden sich alle hinsichtlich ihrer Spurenanzahl und -qualität, jedoch beträgt die durchschnittliche Bearbeitungszeit beim manuellen Prozess ca. 45min für 30 Spuren. Mithilfe von „TCol“ kann die Bearbeitungszeit um ein vielfaches gesenkt werden - durchschnittlich benötigt die Software für die gleiche Anzahl an Spuren unterschiedlicher Komplexität ca. 5min (dies beinhaltet den Import der Daten, den Abgleich der Identifizierungsmuster, die farbliche Markierung, das Öffnen des neuen Dokuments sowie die Speicherung aller Dateien im angelegten Ordnersystem). Durch diese Erweiterung der Software (Durchführung des Abgleichs und anschließende farbliche Markierung) kann besonders bei einer großen Anzahl an Vergleichspersonen wiederum Zeit gespart werden, da eine Zuweisung der Farbkombination nur bei Personen vorgenommen werden muss, die tatsächlich als Mitverursacher der überprüften Spur in Frage kommen. Auch die Bearbeitung von fallspezifischen Tabellen, die mehrere hundert Datensätze enthalten können (beispielsweise bei einem Massenscreening oder bei sehr umfangreichen Fällen), ist mit diesem Zwischenschritt einfacher zu handhaben.

Gemäß der DIN EN ISO 9241-11 ist der Arbeitsaufwand im Verhältnis zur Effektivität mittels des neu entwickelten Produktes äußerst gering. Es handelt sich bei der Software „TCol“ somit um eine überaus effiziente Softwarelösung. Weiterhin können aufgrund der verkürzten Bearbeitungszeiten die einzelnen Untersuchungsaufträge schneller bearbeitet werden, was erheblichen Einfluss auf den weiteren Verlauf der Strafverfolgung hat.

5.3.3 Zufriedenstellung von „TCol“

Nach einer Schulung zur Anwendung des Produktes bzw. dessen Erweiterung sowie der Erarbeitung eines ausführlichen Handbuchs, verlief die Integration in den Arbeitsablauf reibungslos. Die Software wurde von den Gutachtern der Abteilung schnell angenommen und als ein effektives und effizientes Mittel zur Arbeitserleichterung und Fehlerreduktion erkannt. Anhand der automatisch erstellten Ordner, die die Software bei jedem Start anlegt, ist es darüber hinaus möglich, die Häufigkeit der Anwendung zu ermitteln. Im Jahr 2014 wurde dieses Werkzeug ca. 1540 Mal genutzt. An ca. 250 Arbeitstagen im Jahr wurde diese Software demnach mindestens 6 Mal pro Tag angewandt. Auch hier ist ein regelmäßiger Einsatz deutlich erkennbar, denn schon bei wenigen Spuren wird dieses Softwareprodukt der manuellen Bearbeitung vorgezogen.

Grundsätzlich trägt diese innovative Software zu einer enormen Arbeits- und Zeitersparnis bei und minimiert die Fehleranfälligkeit im Vergleich zur manuellen Bearbeitung. Die visuelle Aufbereitung der Daten stellt sich darüber hinaus nicht nur für den bearbeitenden Gutachter und dessen Zweitgutachter als äußerst hilfreich dar, auch die auftraggebenden Dienststellen der Polizei sowie die Justiz profitieren von diesen automatisiert erzeugten Darstellungen der

Untersuchungsergebnisse. Die farbliche Aufbereitung der Untersuchungsergebnisse kann Tatzusammenhänge leicht verständlich abbilden und in kürzester Zeit ein übersichtliches Bild der Spurenlage präsentieren. Nachdem die Software „TCol“ im Rahmen eines Kongresses vorgestellt wurden, wurde die Einfärbung von Personen bzw. Hauptkomponenten sowie dessen Merkmale in den Tatortspuren auch bei Vergabeverfahren des Bundeslandes Bayern gefordert. Dies zeigt die Notwendigkeit zum Verständnis dieser Untersuchungsergebnisse auf.

5.3.4 Vergleich zur Software GenoProof® Mixture 2 (Quality AG)

Im Rahmen des Benchmarkings wurde die Software GenoProof® Mixture 2 der Firma Quality AG auch mit dem Softwareprodukt „TCol“ verglichen. Mithilfe der GenoProof® Software können die Ergebnisse der forensischen DNA-Analyse in Form einer pdf-Datei ausgegeben werden. Ein der Software „TCol“ ähnliches Werkzeug stellt das als Komplettlösung angeworbene Produkt der Firma Quality AG jedoch nicht zur Verfügung. Mithilfe der Software GenoProof® Mixture 2 können zwar Ein-Personen-Profile mit Mischungen abgeglichen werden, jedoch wird als Ergebnis eine prozentuale Übereinstimmung (z.B. 73,2458%) ausgegeben. Solche Angaben werden im Bereich der forensischen Spurenbegutachtung nicht angewandt und erlauben keine aussagekräftige Beurteilung, weshalb die Bewertung der Spuren innerhalb eines Falles mit der GenoProof® Software weiterhin manuell erfolgen muss. Darüber hinaus ermöglicht die Software einen Abgleich von Merkmalmischungen gegeneinander - also Spuren, die von mehr als einer Person verursacht wurden. Demnach kann mit der GenoProof® Software überprüft werden, ob sich die DNA-Merkmale einer Mischung in einer anderen Merkmalmischung wiederfinden. Da solch ein Abgleich jedoch keine Aussagekraft hat und wenig sinnvoll erscheint, wurde bei „TCol“ eine automatische Trennung zwischen Merkmalmischungen und Vergleichsmustern programmiert. Demnach werden mit der entwickelten Software „TCol“ nur brauchbare Vergleiche zwischen Vergleichsmustern und Merkmalmischungen durchgeführt. Darüber hinaus ist mit der GenoProof® Software im Vergleich zu „TCol“ keine farbliche Aufbereitung der Ergebnisse möglich. Aus diesem Grund stellt das im Rahmen dieser Arbeit entwickelte Softwareprodukt „TCol“ einen enormen Beitrag zur gutachterlichen Bewertung und verständlichen Darstellung der Untersuchungsergebnisse dar und erfüllt die Anforderungen der Untersuchungsstelle an ein Werkzeug, mit welchem der Gutachter bei der Fallbearbeitung bzw. Spurenbewertung unterstützt werden kann.

5.3.5 Fazit „TCol“

Aufgrund der stetigen Entwicklung sowie dem Erfolg der forensischen DNA-Analyse, dem damit einhergehenden Anstieg der Untersuchungsaufträge sowie der gestiegenen Anzahl an Spuren pro Fall (Kapitel 1), sind Unterstützungstools im Bereich der forensischen DNA-Analyse inzwischen zwingend notwendig geworden. Auch der Prozessabschnitt des Abgleichs zwischen DNA-Profilen sowie die farbliche Markierung sollte automatisiert werden. Die konzeptionelle Entwicklung eines solchen Softwareproduktes war ebenfalls Ziel dieser Arbeit. Dafür wurden die Anforderungen an dieses Tool detailliert erfasst und auch die Datenstruktur sowie das Design dieser Softwarekomponente erarbeitet. Auf der Grundlage dieser Anforderungen konnte die Software „TCol“ programmiert werden. Anschließend erfolgten innerhalb dieser Arbeit die Validierung und die Integration des Tools in den aktuellen

Prozessabschnitt. Mithilfe der Softwarelösung „TCol“ ist es nun möglich, den Abgleich zwischen DNA-Profilen von Personen bzw. Hauptkomponenten mit den zugehörigen Tatortspuren sowie eine farbliche Aufbereitung dieses Abgleichs automatisiert ausführen zu lassen. Da auch dieser Prozessschritt zuvor manuell durchgeführt wurde und beispielsweise Kloosterman et al. die Dringlichkeit von Unterstützungstools im Rahmen der forensischen Gutachtenerstellung aufgrund ihrer durchgeführten Fehleranalyse aufzeigen [Kloosterman et al., 2014], konnte mit der Entwicklung dieser Software eine Qualitätssteigerung der Gutachten erzielt werden. Auch lässt sich mit diesem Tool bei nur ca. 30 Spuren unterschiedlicher Komplexität bereits eine Zeitersparnis von ca. 40min verzeichnen. Diese schnellere Bearbeitung hat wiederum positive Auswirkungen auf die Anzahl der Fälle, die der Gutachter beispielsweise pro Tag bearbeiten kann. Des Weiteren führt die Anwendung von „TCol“ zur schnelleren Ergebnisübermittlung an die Polizeidienststellen.

5.4 Ausblick

Über die bereits entwickelten Softwareprodukte hinaus könnten noch weitere Unterstützungstools in den aktuellen Workflow integriert werden. Abschließend soll auf die Möglichkeit eines tabellarischen Kurzgutachtens sowie die Anknüpfung an die elektronische Spurenliste „SpAss“ eingegangen werden.

5.4.1 Tabellarisches Kurzgutachten

Im Rahmen von Vergabeverfahren bzgl. der Spurenbearbeitung im Bundesland Bayern wird die Erstellung verkürzter tabellarischer Spurengutachten gefordert. Diese Gutachten sind nicht vergleichbar mit den Negativgutachten, die im Institut für Rechtsmedizin München aus dem WinLims erstellt werden und bei denen alle untersuchten Spuren negativ bzw. nicht auswertbar waren (Kapitel 7.4). Für die geforderten verkürzten tabellarischen Gutachten sollen alle Informationen bzw. Ergebnisse einer Spur ausschließlich verbal, demnach ohne Darstellung der typisierten DNA-Merkmale, in Form einer Tabelle angegeben werden. Dafür müssen zunächst die Ergebnisse der DNA-Analyse vom Erstgutachter nach dem Konsensus- oder Composite-Ansatz erstellt und vom Zweitgutachter kontrolliert werden. Auf dieser Grundlage könnte dann eine Tabelle unter Berücksichtigung aller zu einer Spur erhaltenen Ergebnisse erzeugt werden. Im Rahmen dieser Arbeit konnte bereits ein Konzept für ein tabellarisches Kurzgutachten erstellt werden, welches sich wie folgt darstellt.

Zu Beginn der Spurenbearbeitung ist es teilweise erforderlich die Spurenart zu bestimmen und den Reaktionsausgang in das tabellarische Kurzgutachten aufzunehmen. Eine Unterscheidung zwischen Blut- und Speichelspuren sowie Sperma- bzw. PSA-positiven (Prostata spezifisches Antigen) Spuren ist möglich. Im Anschluss an einen möglichen Vortest wird die DNA aus den vorliegenden Spurentägern isoliert und quantifiziert. Ergibt sich daraus nur eine ungenügende DNA-Menge, wird diese Spur nicht weiter untersucht. Dies muss im tabellarischen Kurzgutachten ebenfalls vermerkt werden. Eine mögliche Darstellungsform dieser Tabelle ist der Abb. 39 zu entnehmen.

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
Spuren- nr.	Vortest	Quant.	DNA	Ergebnis	Art	DAD1 MB(S)	DAD2 MB(S)	DAD3 (BLKA, SG 203)	DAD4 (BLKA, SG 203)	DAD5 (BLKA, SG 203)	pHK ♂ Spur 3.1.01 MB(S)	HK ♂ Spur 5.2.05 MB(S)	pHK ♀ Spur 5.2.06 MB(R)	zb / * (pHK Systeme)	Biostatistik	DV / kDV
1.2.01	---	---														
1.2.02	---	+	A	mbm												
2.0.03	---	+	A	+	3-PM	MV					MV				V	kDV
3.1.01	---	+	A	+	3-PM	MV					pHK			(D1S1656)	V > 1 Billion	DV
3.2.01	---	+	A	+	4-PM	MV			MV	MV	MV			zb:FGA	V	kDV
3.2.02	---	+	A	+	3-PM	MV				MV					V	DV
3.3.01	B+	+	A	+	VM					VM					> 1 Billion	kDV
3.3.02	---	+	A	+	4-PM	MV					MV			zb:D2S441	V	DV
3.3.03	---	+	A	KM												
5.2.03	---	+	A	+	4-PM		MV							zb:SE33, D16S539	ø	DV
5.2.04	---	+	A	+	3-PM			MV						zb:D21S11, *:FGA	ø	DV
5.2.05	---	+	A	+	4-PM		MV					HK		zb:D8S1179	V > 1 Billion	DV
5.2.06	---	+	A	+	3-PM								pHK		V	DV

Abb. 39: Mögliche Darstellung der Spurenbeurteilung
in einem verkürzten tabellarischen Gutachten

Ebenfalls abhängig von den Ergebnissen der Quantifizierung ist die Entscheidung, ob eine autosomale und/oder Y-chromosomale Analyse durchgeführt wird (Kapitel 2.1.3). Die Ergebnisse dieser Analyse könnten anschließend im tabellarischen Kurzgutachten ausschließlich verbal in Form diverser Abkürzungen bewertet werden. Auch sollten die Spuren hinsichtlich ihrer Komplexität beschrieben werden (Anzahl der Personen, die mindestens an der Mischung beteiligt sind). Ebenso müssen alle zum Vergleich zur Verfügung stehenden Personen in die Tabelle aufgenommen werden. Auch die Ergebnisse des Abgleichs dieser Vergleichsmuster mit den untersuchten Tatortspuren sollten im tabellarischen Kurzgutachten abgebildet werden können, einschließlich eventuell fehlender Merkmale (Zusatzbanden oder „Allelic Drop Out“). Gegebenenfalls müssen Bereiche der Tabelle farblich hinterlegt werden. Unter Umständen könnten auch die Ergebnisse der biostatistischen Beurteilung in der Tabelle aufgeführt werden (Kapitel 2.2.2). Weiterhin sollte angegeben werden, ob die untersuchten Tatortspuren für einen weiteren Direktvergleich zur Verfügung stehen oder nicht. Die einzelnen Erklärungen müssten in Abkürzungen dargestellt werden, um eine übersichtliche Tabelle erzeugen zu können. Des Weiteren müssten diese Abkürzungen unterhalb der Tabelle ausführlich erläutert werden. Bei entsprechender Darstellung aller notwendigen Informationen einer Spur, wäre es ggf. möglich, diese in einen Barcode zu überführen. So könnten die Polizeidienststellen zu jeder Spurennummer alle erhaltenen Ergebnisse einscannen und in ihren eigens erstellten Tatortbericht aufnehmen ohne diese abschreiben bzw. einarbeiten zu müssen.

Diese Art der Ergebnisdarstellung wird im Rahmen von Vergabeverfahren im Bundesland Bayern gefordert. Jedoch können die aufgeführten Ergebnisse in keiner Weise kontrolliert werden, da eine Tabelle mit den typisierten DNA-Merkmalen fehlt. Auf eine transparente Ergebnisdarstellung wurde mit der Forderung nach tabellarischen Kurzgutachten demnach bewusst verzichtet.

Im Rahmen dieser Arbeit wurde dieses erste Konzept bzgl. des Aufbaus der verkürzten tabellarischen Gutachten erarbeitet. Jedoch ist bisher nicht abschließend geklärt, ob bzw. in welchem Umfang diese Kurzgutachten in den Routinebetrieb integriert werden sollen. Weiterhin ist fraglich, ob die genannten Parameter manuell in eine Tabelle eingetragen werden oder ggf. über eine Software integriert werden können.

5.4.2 Elektronische Übernahme der Asservatenliste

Darüber hinaus könnte auch der Medienbruch im Bereich der Auftragserfassung im Labor zukünftig umgangen werden. Die in Papierform übersandten Spurenlisten müssen zum aktuellen Zeitpunkt manuell im WinLims erfasst werden, wobei jedoch nur Teile der Spurenliste übernommen werden können (Anzahl der Spuren und Art des Spurenträgers, also Abrieb, Klebestempel usw.). Bei der Erstellung der Gutachten müssen weitere Informationen (Spurennummer und ggf. Ort der Spurensicherung) vom Gutachter per Hand nachgetragen bzw. diktiert werden. Bereits hier können Fehler auftreten, weshalb dieser Medienbruch grundsätzlich beseitigt werden sollte. In diesem Rahmen ist es sinnvoll sich an das von der Bayerischen Polizei seit November 2012 genutzte System zur Spuren- und Asservatenverwaltung „SpAss“ anzulehnen [Sigl, 2014]. Der mithilfe dieses inzwischen etablierten Systems für jede einzelne Spur generierte Datamatrix-Code (2D-Code) kann mittels Handscanner eingescannt werden und enthält alle verfügbaren Informationen zu dieser Spur. Fehler bei der manuellen Erfassung der Daten könnten dadurch künftig vermieden werden. Nach entsprechender Einarbeitungszeit kann ebenso von einer Zeitersparnis auf Seiten des Labors im Rahmen der Auftragserfassung ausgegangen werden. Die Daten aus der „SpAss“-Liste, welche bei der Auftragserfassung ins WinLims importiert werden könnten, könnten abschließend in das Negativgutachten bzw. das tabellarische Kurzugutachten eingebunden werden. Auch bei der regulären Gutachtenerstellung wäre es somit möglich, auf die Aufzählung des Untersuchungsmaterials zu verzichten - die entsprechenden Daten könnten problemlos aus dem WinLims importiert werden, wodurch sich die Bearbeitungszeit weiter verkürzen würde und Fehler minimiert werden könnten.

5.5 Schlussfolgerung

Aufgrund der fortschreitenden Entwicklung im Bereich der forensischen DNA-Analyse und dem damit einhergehenden Anstieg der Analysedaten, ist eine kontinuierliche Verbesserung der speziellen Arbeitsprozesse im Bereich der forensischen Gutachtenerstellung im Institut für Rechtsmedizin München zwingend notwendig geworden. Aus diesem Grund war es Ziel dieser Arbeit Softwareprodukte, welche zur Unterstützung des Gutachters bei der Gutachtenerstellung herangezogen werden können, zu entwickeln und in den vorliegenden Workflow zu integrieren. Dafür wurde zunächst eine Analyse des zu Beginn dieser Arbeit vorliegenden IST-Prozesses durchgeführt. Anhand dieser Analyse konnte ein SOLL-Prozess erarbeitet werden, in dem drei zusätzliche Softwarekomponenten die Arbeit des Gutachters unterstützen sollen. Für diese drei Tools wurden ausführliche Konzepte entwickelt. Diese beinhalten eine detaillierte Darstellung der Datenstrukturen sowie des Imports und der Weiterverarbeitung der Analysedaten. Des Weiteren konnte eine ausführliche Anforderungsbeschreibung für die einzelnen Softwaretools angefertigt werden. Darüber hinaus wurden für alle drei Komponenten das Design sowie eine benutzerfreundliche Anwenderschnittstellen erarbeitet. Auf der Grundlage dieser Konzepte wurden die Softwareprodukte extern durch Studenten der Universität der Bundeswehr München sowie durch die Firma dikon Elektronik & IT GmbH programmiert. Im Anschluss daran wurden die Tools im Rahmen dieser Arbeit getestet und ausführlich validiert. Des Weiteren erfolgte eine Effizienz- und Effektivitätsbewertung der Softwareprodukte.

Alle Softwarekomponenten tragen zur Qualitätssteigerung im Rahmen der Erstellung forensischer Spurengutachten in der DNA-Abteilung des Instituts für Rechtsmedizin München bei. Neben der Verringerung der Fehleranfälligkeit der Prozessschritte konnte eine enorme Zeitersparnis durch den Einsatz der Softwareprodukte nachgewiesen werden. Alle Tools wurden erfolgreich in den aktuellen Workflow integriert und werden täglich in der Routine angewandt. Darüber hinaus weisen weitere Bereiche der forensischen Gutachtenerstellung (z.B. die Auftragserfassung im Labor) das Potential für Optimierungsprozesse auf. Diese sollten zukünftig ebenfalls an die Anforderungen der Entwicklung der forensischen DNA-Analyse angepasst und kontinuierlich weiterentwickelt werden.

6 Abkürzungsverzeichnis

3-PM	<u>3</u> - <u>P</u> ersonen <u>m</u> ischung; DNA-Merkmal <u>m</u> ischung, die sich durch mindestens drei Verursacher erklären lässt
ABL	<u>A</u> llelic <u>B</u> alance <u>L</u> evel [Bekaert et al., 2012]
Amel	<u>A</u> melogenin
bp	<u>B</u> asen <u>p</u> aare
BAK	<u>B</u> undes <u>k</u> riminal <u>a</u> mt
C _T -Wert	<u>C</u> ycle <u>T</u> hreshold
DAD	<u>D</u> NA- <u>A</u> nalysedatei
DIN EN ISO	DIN: <u>D</u> eutsches <u>I</u> nstitut für <u>N</u> ormung, EN: <u>E</u> uropäische <u>N</u> orm, ISO: <u>I</u> nternational <u>O</u> rganization for <u>S</u> tandardization
DNS / DNA	<u>D</u> esoxyribon <u>u</u> kleinsäure / <u>D</u> esoxyribon <u>u</u> cleic <u>A</u> cid
DNA-IRD	<u>D</u> NA- <u>I</u> nternreferenzdatei
EPK	<u>E</u> reignisgesteuerte <u>P</u> rozess <u>k</u> etten
ESS	<u>E</u> uropean <u>S</u> tandard <u>S</u> et
FallTab	<u>F</u> all <u>t</u> abelle
FST	Software <u>F</u> orensic <u>S</u> tatic <u>T</u> ool
GUI	<u>G</u> raphical <u>U</u> ser <u>I</u> nterface (Grafische Benutzeroberfläche)
GutTab	<u>G</u> utacht <u>e</u> rtabelle
HE-Färbung	<u>H</u> ämat <u>o</u> xylin- <u>E</u> osin- <u>F</u> ärbung
HK	<u>H</u> aupt <u>k</u> omponente (vollständig)
KM	<u>K</u> omplexe DNA-Merkmal <u>m</u> ischung
KonS	Software <u>K</u> onsensus <u>S</u> equenz
kTe	<u>k</u> ein <u>T</u> yp <u>e</u> rhalten
LKA	<u>L</u> andes <u>k</u> riminal <u>a</u> mt
LMD	<u>L</u> aser <u>m</u> ikro <u>d</u> issektion
LQ	<u>L</u> ikelihood- <u>Q</u> uotient
LSJML	<u>L</u> aboratoire de <u>s</u> ciences judiciaires et de <u>m</u> édecine <u>l</u> égale (Kanada)
MA	<u>M</u> itarbeiter
MB	<u>M</u> elde <u>b</u> ogen
mbm	<u>m</u> ultiples <u>B</u> anden <u>m</u> uster

MV	<u>M</u> it <u>v</u> erursacher
NFI	<u>N</u> etherlands <u>F</u> orensic <u>I</u> nstitute
OL	<u>O</u> ff <u>L</u> adder
PCR	<u>P</u> olymerase <u>C</u> hain <u>R</u> eaction (Polymerase Kettenreaktion)
P(E)	<u>P</u> robability of <u>E</u> xclusion (Ausschluss-Chance)
pHK	partielle <u>H</u> aupt <u>k</u> omponente
P(I)	<u>P</u> robability of <u>I</u> nclusion (Einschluss-Chance)
PSA	<u>P</u> rostate <u>s</u> pezifisches <u>A</u> ntigen
qPCR	quantitative <u>P</u> CR (real-time PCR)
RechenTab	<u>R</u> echentabelle
RFLP	<u>R</u> estriktions <u>f</u> ragment <u>l</u> ängen <u>p</u> olymorphismus
rfu	relative <u>f</u> luorescence <u>u</u> nits
SpAss	Software <u>S</u> puren- und <u>A</u> sservatenverwaltung
STR	<u>S</u> hort <u>T</u> andem <u>R</u> epeats
TCol	Software <u>T</u> able <u>C</u> olor
TV	<u>T</u> at <u>v</u> erdächtiger
VgIP	<u>V</u> ergleich <u>s</u> person / <u>V</u> ergleich <u>s</u> speichel <u>p</u> robe
VM	<u>V</u> ergleich <u>s</u> muster (Ein-Personen-Profil, abgeleitete Hauptkomponente, Vergleichsspeichelprobe)
VNTR	<u>V</u> ariable <u>N</u> umber of <u>T</u> andem <u>R</u> epeats
zb	<u>Z</u> usatz <u>b</u> anden
VDB	Software <u>V</u> ergleich <u>s</u> daten <u>b</u> ank

7 Anhang

7.1 Quantifizierung humaner DNA mittels qPCR

Die qPCR ist eine Weiterentwicklung der Mitte der achtziger Jahre von Kary Mullis entwickelten Polymerase-Kettenreaktion [Bloch, 1991; Mullis et al., 1986; Mullis, 1990a, b], welche in drei Teilschritten abläuft. Zunächst kommt es zur Denaturierung der DNA-Doppelstränge. Im zweiten Schritt, dem Annealing, folgt die Anlagerung der Primer an die Einzelstränge. Der dritte Schritt, die Extension, beinhaltet die Verlängerung dieser Primer zu einem neuen DNA-Doppelstrang mittels der Taq-Polymerase. Bei der qPCR kann zwischen jedem PCR-Zyklus die Menge der amplifizierten DNA in Echtzeit (real-time) gemessen werden. Diese Messung erfolgt über fluoreszierende Reporterfarbstoffe (Fluorophore). Das Real-time-Detektionssystem besteht aus einem Thermo-Cycler, sowie einem optischen Detektionsmodul, mit welchem die Fluoreszenzen gemessen werden können. Zu dem PCR-Ansatz werden zusätzlich fluoreszenzmarkierte Sonden hinzugegeben, die sich an einer definierten humanen Sequenz zwischen den spezifischen Primern anlagern. Diese Sonden sind mit einem am 3'-Ende liegenden Quencher und einem Reporter-Fluoreszenzfarbstoff am 5'-Ende markiert (z.B. FAMTM, VIC[®] oder NEDTM) [Heid et al., 1996; Swango et al., 2007]. Dabei wird die Reporterfluoreszenzemission, welche durch ein Halogen-, LED- oder Laserlicht angeregt wird, bei einer intakten Sonde durch die Nähe zum Quencher unterdrückt [Förster, 1948; Lakowicz, 1983]. Während der PCR-Reaktion werden die beiden Primer mittels der Taq-Polymerase verlängert, bis diese auf die Sonde trifft. Anschließend baut die Polymerase mithilfe ihrer 5'-3'-Exonukleaseaktivität die Sonde ab, wodurch sich der Reporter vom Quencher lösen kann. Nun findet kein Energietransfer auf den Quencher statt und der Reporterfluoreszenzfarbstoff emittiert Licht. Die Zunahme der Reporterfluoreszenz wird nach jedem PCR-Zyklus gemessen und ist proportional zur Menge der synthetisierten DNA-Stränge in der untersuchten Probe. Das Prinzip der Quantifizierung beruht dabei auf der Berechnung des Fluoreszenz-Schwellenwertes, dem so genannten Cycle Threshold oder C_T-Wert [Heid et al., 1996]. Dieser Wert entspricht dem PCR-Zyklus bei dem die Reporterfluoreszenz die Hintergrundfluoreszenz signifikant übersteigt (im Allgemeinen die Hälfte der maximalen Fluoreszenz). Am Anfang einer PCR-Reaktion wird zunächst nur die Hintergrundfluoreszenz gemessen, da die Reporterfluoreszenz während der ersten Zyklen normalerweise nicht detektierbar ist. Wird dieser Wert überschritten, ist dies der Zeitpunkt, ab dem die Amplifikation exponentiell zunimmt. In dieser Phase gibt es keine limitierenden Faktoren, wie Primer- oder Nukleotidmangel oder nachlassende Enzymaktivität. Parallel zu den zu amplifizierenden Proben durchlaufen Standards, also Proben bekannter Templatemengen, die qPCR. Daraus ergibt sich eine Standardkurve, mit deren Hilfe aus einem bestimmten C_T-Wert auf eine Templatekonzentration geschlossen werden kann. Proben, bei denen im Rahmen der Quantifizierung keine humane DNA nachgewiesen werden konnte, werden nicht weiter untersucht und im abschließenden Gutachten als negativ angegeben. Darüber hinaus kann mit den verwendeten Kits der Firma Thermo Fisher Scientific nicht nur die Menge humaner DNA, sondern ebenfalls auch die Menge Y-chromosomaler DNA gemessen werden.

7.2 Multiplex-PCR

Mit den in der Routine eingesetzten Kits können gleichzeitig die D3S1358-, vWA-, FIBRA-, TH01-, SE33-, D8S1179-, D21S11-, D18S51-, D16S539-, D2S1338-, D19S433-, D22S1045-, D1S1656-, D10S1248-, D2S441- und D12S391-Loci (Powerplex® ESX 17 System, Promega bzw. AmpF/STR® NGM SElect™, Thermo Fisher Scientific) und darüber hinaus die DYS19-, DYS391-, DYS392-, DYS393-, DYS385-, DYS389-1-, DYS389-2-, DYS390-, DYS438-, DYS439-, DYS456-, DYS458-, DYS635-, DYS437-, DYS448- und YGATAH4-Loci (AmpF/STR® Yfiler®, Thermo Fisher Scientific) typisiert werden. Mithilfe des Amelogeninsystems wird eine Geschlechtsbestimmung durchgeführt. Überlappende Fragmentlängen der verwendeten DNA-Systeme sind dabei durch unterschiedliche Fluoreszenzmarkierungen eindeutig zuzuordnen. Die nachfolgenden Tabellen (Tabelle 14, Tabelle 15 und Tabelle 16) zeigen die unterschiedlichen Fluoreszenzfarbstoffe für die einzelnen DNA-Systeme mit von links nach rechts linear aufsteigender Basenpaargröße (60 bis 600bp). Auch bei der Multiplex-PCR laufen Denaturierung, Annealing und Extension wie bei einer üblichen PCR ab. Einzige Ausnahme ist ein so genannter „Hot Start“ (2 Minuten bei 96°C), der vor dem ersten Zyklus durchgeführt wird. Dieser Schritt dient der Aktivierung der Hot Start DNA-Polymerase.

Tabelle 14: DNA-Systeme PowerPlex® ESX 17 System

Fluoreszenzfarbstoff	DNA-Systeme Powerplex® ESX, Promega	Farbe
Fluorescein	Amelogenin, D3S1358, TH01, D21S11, D18S51	Blau
JOE	D10S1248, D1S1656, D2S1338, D16S539	Grün
TMR-ET	D22S1045, vWA, D8S1179, FIBRA	Gelb*
CXR-ET	D2S441, D12S391, D19S433, SE33	Rot
CC5	Längenstandard ILS60-500	Orange

* wird zur besseren Ansicht im Elektropherogramm schwarz dargestellt

Tabelle 15: DNA-Systeme NGM SElect™

Fluoreszenzfarbstoff	DNA-Systeme AmpF/STR® NGM SElect™, Thermo Fisher Scientific	Farbe
6-FAM™	D10S1248, vWA, D16S539, D2S1338	Blau
VIC®	Amelogenin, D8S1179, D21S11, D18S51	Grün
NED™	D22S1045, D19S433, TH01, FIBRA	Gelb*
PET®	D2S441, D3S1358, D1S1656, D12S391, SE33	Rot
LIZ	Längenstandard LIZ60-600	Orange

* wird zur besseren Ansicht im Elektropherogramm schwarz dargestellt

Tabelle 16: DNA-Systeme Yfiler®

Fluoreszenzfarbstoff	DNA-Systeme AmpF/STR® Yfiler®, Thermo Fisher Scientific	Farbe
6-FAM™	DYS456, DYS389-1, DYS390, DYS389-2	Blau
VIC®	DYS458, DYS19, DYS385	Grün
NED™	DYS393, DYS391, DYS439, DYS635, DYS392	Gelb*
PET®	YGATAH4, DYS437, DYS438, DYS448	Rot
LIZ	Längenstandard LIZ60-600	Orange

* wird zur besseren Ansicht im Elektropherogramm schwarz dargestellt

7.3 Kapillarelektrophorese

Im Anschluss an die Multiplex-PCR wird zu den Amplifikaten ein Mix aus Formamid und dem entsprechenden Längenstandard zugegeben. Anschließend werden die Proben denaturiert, d.h. die doppelsträngige DNA wird in Einzelstränge aufgetrennt. Das zugegebene Formamid unterbindet die Renaturierung. Passiert die einzelsträngige DNA-Probe nach der Auftrennung im Polymer den Detektor, kann eine Längenbestimmung sowie die Fluoreszenzmessung anhand der Fluoreszenzfarbstoffe durchgeführt werden [Lazaruk et al., 1998; Rosenblum et al., 1997; Wenz et al., 1998]. Die Kapillarelektrophorese wird auf dem ABI PRISM® 3100-Avant bzw. dem 3130xL Genetic Analyzer der Firma Thermo Fisher Scientific durchgeführt. Bei den aktuellen Kits sind die Farben Blau, Grün, Gelb (angezeigt in Schwarz) und Rot für die DNA-Systeme reserviert. Die Farbe Orange wird für den Längenstandard ILS bzw. LIZ genutzt.

Mit den internen Längenstandards „CC5 ILS 500“ für den PowerPlex® ESX 17 System Kit der Firma Promega oder dem „LIZ 600“ für die Kits NGM SElect™ und Yfiler® der Firma Thermo Fisher Scientific erfolgt die Längenbestimmung der einzelnen DNA-Fragmente. Mit diesen Längenstandards können DNA-Fragmente zwischen 60 und 500bp bzw. 60 und 600bp bestimmt werden. Darüber hinaus werden bei jeder Analyse Positiv- und Negativkontrollen sowie allelische Leitern, also Proben mit allen gängigen Allelen für jedes DNA-System, mit untersucht.

7.4 Allgemeine technische Entwicklungen in der DNA-Abteilung

Im Verlauf der Anfertigung dieser Arbeit kam es in der Abteilung Forensische Molekularbiologie des Instituts für Rechtsmedizin München zu allgemeinen technischen Weiterentwicklungen. Eine erste Veränderung zeigt sich bereits bei der Quantifizierung der isolierten DNA. Statt dem Quantifiler® Duo DNA Quantification Kit wird aktuell der Quantifiler® Trio DNA Quantification Kit, ebenfalls von der Firma Thermo Fisher Scientific, verwendet. Wie mit dem bisherigen Kit ist es weiterhin möglich, die Menge an humaner sowie Y-chromosomaler DNA in einer Probe zu bestimmen. Darüber hinaus enthält der Quantifiler® Trio DNA Quantification Kit zwei verschiedene autosomale Multicopy Targets („small autosomal target“ mit einer Größe von 80bp und „large autosomal target“ mit einer Größe von 214bp), mit welchen zusätzlich der Grad der Degradation der DNA in der Probe bestimmt werden kann [Liu, 2014; Vernarecci et al., 2015].

Weiterhin wurde der Yfiler® Kit der Firma Thermo Fisher Scientific durch den PowerPlex® Y23 System Kit der Firma Promega ersetzt. Bei diesem Kit werden zu den bisher untersuchten Systemen sechs weitere Y-chromosomale DNA-Systeme detektiert (DYS576, DYS481, DYS549, DYS533, DYS570 und DYS643), wobei zwei dieser Marker (DYS570 und DYS576) zu den schnell mutierenden Systemen zählen [Ballantyne et al., 2010]. Mithilfe dieser Systeme besteht die Chance auch sehr nahe verwandte männliche Personen in ihren Y-chromosomal Merkmalmustern voneinander zu unterscheiden. In der nachfolgenden Tabelle sind wiederum die unterschiedlichen Fluoreszenzfarbstoffe für die einzelnen DNA-Systeme mit von links nach rechts linear aufsteigender Basenpaargröße (60 bis 500bp) dargestellt (Tabelle 17).

Tabelle 17: DNA-Systeme PowerPlex® Y23 System

Fluoreszenzfarbstoff	DNA-Systeme Powerplex® Y23, Promega	Farbe
Fluorescein	DYS576, DYS389-1, DYS448, DYS389-2, DYS19	Blau
JOE	DYS391, DYS481, DYS549, DYS533, DYS438, DYS437	Grün
TMR-ET	DYS570, DYS635 DYS390, DYS439, DYS392, DYS643	Gelb*
CXR-ET	DYS393, DYS458, DYS385, DYS456 and YGATAH4	Rot
CC5	Längenstandard ILS60-500	Orange

* wird zur besseren Ansicht im Elektropherogramm schwarz dargestellt

Des Weiteren wurde der ABI PRISM® 3100-Avant durch den 3500xL Genetic Analyzer, ebenfalls von der Firma Thermo Fisher Scientific, ersetzt. Statt der zuvor verfügbaren acht Kapillaren (3100-Avant) bzw. der aktuell verfügbaren 16 Kapillaren (3130xL), können beim 3500xL nun 24 Kapillaren gleichzeitig für die Analyse genutzt werden. Auch die Laufzeit für die Analyse einer 96-Well Platte nimmt mit der fortschreitenden Entwicklung der Analysegeräte weiter ab, wodurch der Probendurchsatz im Labor gesteigert werden kann. Darüber hinaus ist es mit dem 3500xL (bzw. dem 3130xL nach Aktualisierung der Data Collection Software) möglich, statt 5- zukünftig auch 6-Farben-Kits zu analysieren, wodurch der Informationsgehalt der Probe mit einer einzigen Untersuchung weiter erhöht werden kann.

Außerdem wurden die zuvor genutzten Softwareprodukte GeneScan® und Genotyper® durch den GeneMapper® ID-X Version 1.4 ersetzt. Mit dieser Software können die Analysedaten direkt ohne zusätzlichen Konvertierungsaufwand analysiert und ausgewertet werden. Weiterhin bietet diese Software die Möglichkeit fluoreszenzfarben- sowie systemsspezifische Einstellungen vorzunehmen (systembezogene Benennung von Stutter-Peaks, Höhe der Basislinie bzw. Cut-Off bei der Benennung der detektierten Peaks). Auch können mit dieser Software nicht nur 5-, sondern ebenso 6-Farben-Kits ausgewertet werden.

Abschließend wurde die Erstellung von Negativgutachten aus dem WinLims eingeführt. In der DNA-Abteilung diente dieses Labor-Informations- und Management-System bisher ausschließlich zur Auftragserfassung, jedoch nicht zur Erstellung von Gutachten. Bei Fällen, in denen alle Proben bei der Quantifizierung bzw. der Multiplex-PCR negativ oder nicht auswertbar waren (mbm oder KM), kann nun mithilfe des WinLims ein Negativgutachten erstellt werden. Ein vorgefertigter Text zur Auftragsbeschreibung, der Methodik (Isolierung, Quantifizierung, Multiplex-PCR und Kapillarelektrophorese) sowie zu negativen bzw. nicht

auswertbaren Spuren ist in dem Word-Dokument bereits enthalten. Darüber hinaus muss das übersandte Untersuchungsmaterial in dem Negativgutachten aufgeführt werden. Aktuell wird von der vom Auftraggeber übersandten Spurenliste nur die Anzahl der Spuren und evtl. die Art des Spurenträgers (Abrieb, Klebestempel usw.) im WinLims erfasst. Die jeweiligen Spurennummern und ggf. der Ort der Spurensicherung müssen vom Gutachter manuell nachgetragen werden. Das Gutachten kann dann vom Erstgutachter sowie der Institutsleitung unterschrieben und vom Schreibbüro verschickt werden.

8 Literaturverzeichnis

Albinsson, L., Noren, L., Hedell, R., und Ansell, R. (2011). Swedish population data and concordance for the kits PowerPlex(R) ESX 16 System, PowerPlex(R) ESI 16 System, AmpFISTR(R) NGM, AmpFISTR(R) SGM Plus and Investigator ESSplex. *Forensic Sci Int Genet* 5, e89-92.

Andrä, V., und Bastisch, I. (2015). Die DNA-Internreferenzdatei (DNA-IRD) im Bundeskriminalamt: Notwendigkeit und Entwicklung. *Der Kriminalist* 12, 29-32.

Anslinger, K., Bayer, B., Mack, B., und Eisenmenger, W. (2007). Sex-specific fluorescent labelling of cells for laser microdissection and DNA profiling. *Int J Legal Med* 121, 54-56.

Anslinger, K., Bayer, B., Rolf, B., Keil, W., und Eisenmenger, W. (2005a). Application of the BioRobot EZ1 in a forensic laboratory. *Leg Med (Tokyo)* 7, 164-168.

Anslinger, K., Keil, W., Weichhold, G., und Eisenmenger, W. (2000). Y-chromosomal STR haplotypes in a population sample from Bavaria. *Int J Legal Med* 113, 189-192.

Anslinger, K., Mack, B., Bayer, B., Rolf, B., und Eisenmenger, W. (2005b). Digoxigenin labelling and laser capture microdissection of male cells. *Int J Legal Med* 119, 374-377.

Anslinger, K., Rolf, B., und Keil, W. (2001). Evaluation and application of the AmpF/STR profiler plus PCR amplification kit in a Bavarian population sample. *Int J Legal Med* 114, 278-280.

Balding, D.J., und Buckleton, J. (2009). Interpreting low template DNA profiles. *Forensic Sci Int Genet* 4, 1-10.

Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., *et al.* (2010). Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristics, molecular bases, and forensic implications. *Am J Hum Genet* 87, 341-353.

Becker, I., Becker, K.F., Rohrl, M.H., und Hofler, H. (1997). Laser-assisted preparation of single cells from stained histological slides for gene analysis. *Histochem Cell Biol* 108, 447-451.

Becker, J., Kugeler, M., und Rosemann, M. (2004). *Prozessmanagement*, 5. Auflage edn (Berlin, Heidelberg, New York, Springer).

Bekaert, B., Van Geystelen, A., Vanderheyden, N., Larmuseau, M.H., und Decorte, R. (2012). Automating a combined composite-consensus method to generate DNA profiles from low and high template mixture samples. *Forensic Sci Int Genet* 6, 588-593.

Benschop, C.C., van der Beek, C.P., Meiland, H.C., van Gorp, A.G., Westen, A.A., und Sijen, T. (2011). Low template STR typing: effect of replicate number and consensus method on genotyping reliability and DNA database search results. *Forensic Sci Int Genet* 5, 316-328.

Bloch, W. (1991). A biochemical perspective of the polymerase chain reaction. *Biochemistry* 30, 2735-2747.

Bright, J.A., Gill, P., und Buckleton, J. (2012). Composite profiles in DNA analysis. *Forensic Sci Int Genet* 6, 317-321.

Brodersen, K., Anslinger, K., und Rolf, B. (2003). DNA-Analyse und Strafverfahren (München, Verlag C.H.Beck).

Bundeskriminalamt (2015a). DNA-Treffer Statistik (Bundeskriminalamt).

Bundeskriminalamt (2015b). DNA-Treffer Statistik - Beispielhafte Aufklärungserfolge (Bundeskriminalamt).

Butler, J.M. (2001). Forensic DNA Typing: Biology and Technology Behind STR Markers (Academic Press).

Butler, J.M. (2003). Recent Developments in Y-Short Tandem Repeat and Y-Single Nucleotide Polymorphism Analysis. Forensic Science Review 15, 92-111.

Butler, J.M. (2007). Short tandem repeat typing technologies used in human identity testing. BioTechniques 43, ii-v.

Butler, J.M. (2009). Fundamentals of Forensic DNA Typing (Academic Press).

Cowell, R.G., Lauritzen, S.L., und Mortera, J. (2011). Probabilistic expert systems for handling artifacts in complex DNA mixtures. Forensic Sci Int Genet 5, 202-209.

Cowen, S., Debenham, P., Dixon, A., Kutranov, S., Thomson, J., und Way, K. (2011). An investigation of the robustness of the consensus method of interpreting low-template DNA profiles. Forensic Sci Int Genet 5, 400-406.

DAkkS, D.A. (2010). Leitfaden Usability (Deutsche Akkreditierungsstelle DAkkS), pp. 237.

Davis, C.P., King, J.L., Budowle, B., Eisenberg, A.J., und Turnbough, M.A. (2012). Extraction platform evaluations: a comparison of AutoMate Express, EZ1(R) Advanced XL, and Maxwell(R) 16 Bench-top DNA extraction systems. Leg Med (Tokyo) 14, 36-39.

Ebeling, W., Hennrich, N., Klockow, M., Metz, H., Orth, H.D., und Lang, H. (1974). Proteinase K from Tritirachium album Limber. European journal of biochemistry / FEBS 47, 91-97.

Edwards, A., Civitello, A., Hammond, H.A., und Caskey, C.T. (1991). DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats. Am J Hum Genet 49, 746-756.

Forster, L., Thomson, J., und Kutranov, S. (2008). Direct comparison of post-28-cycle PCR purification and modified capillary electrophoresis methods with the 34-cycle "low copy number" (LCN) method for analysis of trace forensic DNA samples. Forensic Sci Int Genet 2, 318-328.

Förster, T. (1948). Zwischenmolekulare Energiewanderung und Fluoreszenz, Vol 2 (Lepizig).

Foster, A., und Laurin, N. (2012). Development of a fast PCR protocol enabling rapid generation of AmpFISTR(R) Identifiler(R) profiles for genotyping of human DNA. Investig Genet 3, 6.

Fowler, J.C., Burgoyne, L.A., Scott, A.C., und Harding, H.W. (1988). Repetitive deoxyribonucleic acid (DNA) and human genome variation--a concise review relevant to forensic biology. J Forensic Sci 33, 1111-1126.

Gadatsch, A. (2010). Grundkurs Geschäftsprozess-Management, 6. Auflage (Wiesbaden, Vieweg+Teubner).

- Garcia, O., Alonso, J., Cano, J.A., Garcia, R., Luque, G.M., Martin, P., de Yuso, I.M., Maulini, S., Parra, D., und Yurrebaso, I. (2012). Population genetic data and concordance study for the kits Identifiler, NGM, PowerPlex ESX 17 System and Investigator ESSplex in Spain. *Forensic Sci Int Genet* 6, e78-79.
- Gibb, A.J., Huell, A.L., Simmons, M.C., und Brown, R.M. (2009). Characterisation of forward stutter in the AmpFISTR SGM Plus PCR. *Sci Justice* 49, 24-31.
- Gill, P., und Buckleton, J. (2010). A universal strategy to interpret DNA profiles that does not require a definition of low-copy-number. *Forensic Sci Int Genet* 4, 221-227.
- Gill, P., Jeffreys, A.J., und Werrett, D.J. (1985). Forensic application of DNA 'fingerprints'. *Nature* 318, 577-579.
- Gill, P., Kimpton, C., D'Aloja, E., Andersen, J.F., Bar, W., Brinkmann, B., Holgersson, S., Johnsson, V., Kloosterman, A.D., Lareu, M.V., *et al.* (1994). Report of the European DNA profiling group (EDNAP)--towards standardisation of short tandem repeat (STR) loci. *Forensic Sci Int* 65, 51-59.
- Gill, P., und Kirkham, A. (2004). Development of a simulation model to assess the impact of contamination in casework using STRs. *J Forensic Sci* 49, 485-491.
- Gill, P., Kirkham, A., und Curran, J. (2007). LoComotion: a software tool for the analysis of low copy number DNA profiles. *Forensic Sci Int* 166, 128-138.
- Gill, P., Rowlands, D., Tully, G., Bastisch, I., Staples, T., und Scott, P. (2010). Manufacturer contamination of disposable plastic-ware and other reagents—An agreed position statement by ENFSI, SWGDAM and BSAG. *Forensic Sci Int Genet* 4, 269-270.
- Grgicak, C.M., Urban, Z.M., und Cotton, R.W. (2010). Investigation of reproducibility and error associated with qPCR methods using Quantifiler(R) Duo DNA quantification kit. *J Forensic Sci* 55, 1331-1339.
- Gusmao, L., Brion, M., Gonzalez-Neira, A., Lareu, M., und Carracedo, A. (1999). Y chromosome specific polymorphisms in forensic analysis. *Leg Med (Tokyo)* 1, 55-60.
- Haldemann, B., Dornseifer, S., und Neuhaus-Steinmetz, U. (2015). eDNA - Expertensystem für die forensische DNA-Analyse (online, Landeskriminalamt Berlin KT 42 - DNA-Analytik).
- Haned, H., Slooten, K., und Gill, P. (2012). Exploratory data analysis for the interpretation of low template DNA mixtures. *Forensic Sci Int Genet* 6, 762-774.
- Heid, C.A., Stevens, J., Livak, K.J., und Williams, P.M. (1996). Real time quantitative PCR. *Genome research* 6, 986-994.
- Heyder, J., Aehle, S., Tschoche, M., Kropat, E., und Anslinger, K. (2013). "TCol" program. Process optimization for the preparation of forensic DNA reports. *Rechtsmedizin* 23, 17-21.
- Heyder, J., Heim, M., und Anslinger, K. (2015). "KonS" program. Process optimization for the preparation of forensic DNA reports. *Rechtsmedizin* 25, 517-522.
- Jeffreys, A.J., Brookfield, J.F., und Semeonoff, R. (1985a). Positive identification of an immigration test-case using human DNA fingerprints. *Nature* 317, 818-819.
- Jeffreys, A.J., Wilson, V., und Thein, S.L. (1985b). Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. *Nature* 314, 67-73.

- Jeffreys, A.J., Wilson, V., und Thein, S.L. (1985c). Individual-specific 'fingerprints' of human DNA. *Nature* 316, 76-79.
- Jobling, M.A., und Tyler-Smith, C. (2003). The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age. *Nature reviews Genetics* 4, 598-612.
- Kelly, H., Bright, J.A., Curran, J., und Buckleton, J. (2012). The interpretation of low level DNA mixtures. *Forensic Sci Int Genet* 6, 191-197.
- Kimpton, C.P., Gill, P., Walton, A., Urquhart, A., Millican, E.S., und Adams, M. (1993). Automated DNA profiling employing multiplex amplification of short tandem repeat loci. *PCR methods and applications* 3, 13-22.
- Kloosterman, A., Sjerps, M., und Quak, A. (2014). Error rates in forensic DNA analysis: definition, numbers, impact and communication. *Forensic Sci Int Genet* 12, 77-85.
- Kremser, A., Bayer, B., Jung, S., und Anslinger, K. (2009). Quantifiler Human DNA Quantification Kit (Applied Biosystems) as a screening kit for DNA profiling. *Forensic Sci Int Genet Suppl Ser 2* 2, 106-107.
- Lakowicz, J.R. (1983). *Energy Transfer* (New York, Plenum Press).
- Landsteiner, K. (1900). Zur Kenntnis der antifermentativen, lytischen und agglutinierenden Wirkungen des Blutserums und der Lymphe. *Zentbl Bakt Orig* 27, 357-362.
- Landsteiner, K. (1901). Ueber Agglutinationserscheinungen normalen menschlichen Blutes. *Wien Klin Wochenschr* 14, 1132-1134.
- Lapointe, M., Rogic, A., Bourgoin, S., Jolicoeur, C., und Seguin, D. (2015). Leading-edge forensic DNA analyses and the necessity of including crime scene investigators, police officers and technicians in a DNA elimination database. *Forensic Sci Int Genet* 19, 50-55.
- Lazaruk, K., Walsh, P.S., Oaks, F., Gilbert, D., Rosenblum, B.B., Menchen, S., Scheibler, D., Wenz, H.M., Holt, C., und Wallin, J. (1998). Genotyping of forensic short tandem repeat (STR) systems based on sizing precision in a capillary electrophoresis instrument. *Electrophoresis* 19, 86-93.
- Liu, J.Y. (2014). Direct qPCR quantification using the Quantifiler((R)) Trio DNA quantification kit. *Forensic Sci Int Genet* 13, 10-19.
- Mansfield, E.S., und Kronick, M.N. (1993). Alternative labeling techniques for automated fluorescence based analysis of PCR products. *BioTechniques* 15, 274-279.
- Mitchell, A.A., Tamariz, J., O'Connell, K., Ducasse, N., Budimlija, Z., Prinz, M., und Caragine, T. (2012). Validation of a DNA mixture statistics tool incorporating allelic drop-out and drop-in. *Forensic Sci Int Genet* 6, 749-761.
- Mullis, K., Faloona, F., Scharf, S., Saiki, R., Horn, G., und Erlich, H. (1986). Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harb Symp Quant Biol* 51 Pt 1, 263-273.
- Mullis, K.B. (1990a). Target amplification for DNA analysis by the polymerase chain reaction. *Annales de biologie clinique* 48, 579-582.
- Mullis, K.B. (1990b). The unusual origin of the polymerase chain reaction. *Scientific American* 262, 56-61, 64-55.

- Neuhuber, F., Dunkelmann, B., Höckner, G., Kiesslich, J., Klausriegler, E., und Radacher, M. (2009). Female criminals - It's not always the offender! *Forensic Sci Int Genet Suppl Ser 2*, 145-146.
- Pearson, K., Glebs, A., und MCombs, G. (2010). *Manufacturing High-Quality Forensic Tools - Promega Quality Standards* (Promega Corporation).
- Perlin, M.W., Legler, M.M., Spencer, C.E., Smith, J.L., Allan, W.P., Belrose, J.L., und Duceman, B.W. (2011). Validating TrueAllele(R) DNA mixture interpretation. *J Forensic Sci* 56, 1430-1447.
- Pfeifer, C.M., Klein-Unseld, R., Klintschar, M., und Wiegand, P. (2012). Comparison of different interpretation strategies for low template DNA mixtures. *Forensic Sci Int Genet* 6, 716-722.
- Primorac, D., und Schanfield, M. (2014). *Forensic DNA Applications* (CRC Press).
- Qualitytype (2013). *GenoProof® Mixture Benutzerhandbuch* (Dresden, Qualitytype GmbH), pp. 250.
- Qualitytype (2015). *GenoProof Mixture – Die Komplettlösung für komplexe, forensische DNA-Proben* (Qualitytype GmbH).
- Rivière, D. (2011). Prozessoptimierung mit Benchmarking. *VSE Bulletin* 8, 17-20.
- Roewer, L., und Epplen, J.T. (1992). Rapid and sensitive typing of forensic stains by PCR amplification of polymorphic simple repeat sequences in case work. *Forensic Sci Int* 53, 163-171.
- Rosenblum, B.B., Oaks, F., Menchen, S., und Johnson, B. (1997). Improved single-strand DNA sizing accuracy in capillary electrophoresis. *Nucleic Acids Res* 25, 3925-3929.
- Schneider, P.M., Fimmers, R., Keil, W., Molsberger, G., Patzelt, D., Pflug, W., Rothämel, T., Schmitter, H., Schneider, H., und Brinkmann, B. (2006). Allgemeine Empfehlungen der Spurenkommission zur Bewertung von DNA-Mischspuren. *Rechtsmedizin* 2006 16, 401-404.
- Schneider, P.M., und Martin, P.D. (2001). Criminal DNA databases: the European situation. *Forensic Sci Int* 119, 232-238.
- Sigl, J. (2014). Neue Asservatenbearbeitung bei der Bayerischen Polizei (online, Bayerisches Landeskriminalamt SG 632).
- Spiegel Online (2011). DNA-Tests entlasten Häftling nach mehr als 30 Jahren (Spiegel Online, <http://www.spiegel.de/panorama/justiz/texas-dna-tests-entlasten-haeftling-nach-mehr-als-30-jahren-a-738014.html>, 19.02.2015).
- Spiegel Online (2012). Mann sitzt 32 Jahre lang unschuldig hinter Gittern (Spiegel Online, <http://www.spiegel.de/panorama/justiz/mann-sitzt-32-jahre-unschuldig-im-gefaengnis-a-843106.html>, 18.06.2015).
- Steele, C.D., und Balding, D.J. (2014). Statistical Evaluation of Forensic DNA Profile Evidence. *Annual Reviews* 1, 361-384.
- Swango, K.L., Hudlow, W.R., Timken, M.D., und Buoncristiani, M.R. (2007). Developmental validation of a multiplex qPCR assay for assessing the quantity and quality of nuclear DNA in forensic samples. *Forensic Sci Int* 170, 35-45.

Torres, Y., Flores, I., Prieto, V., Lopez-Soto, M., Farfan, M.J., Carracedo, A., und Sanz, P. (2003). DNA mixtures in forensic casework: a 4-year retrospective study. *Forensic Sci Int* 134, 180-186.

Tucker, V.C., Hopwood, A.J., Sprecher, C.J., McLaren, R.S., Rabbach, D.R., Ensenberger, M.G., Thompson, J.M., und Storts, D.R. (2012). Developmental validation of the PowerPlex(R) ESX 16 and PowerPlex(R) ESX 17 Systems. *Forensic Sci Int Genet* 6, 124-131.

van Oorschot, R.A., Ballantyne, K.N., und Mitchell, R.J. (2010). Forensic trace DNA: a review. *Investig Genet* 1, 14.

Vernarecci, S., Ottaviani, E., Agostino, A., Mei, E., Calandro, L., und Montagna, P. (2015). Quantifiler((R)) Trio Kit and forensic samples management: A matter of degradation. *Forensic Sci Int Genet* 16, 77-85.

Walsh, P.S., Fildes, N.J., und Reynolds, R. (1996). Sequence analysis and characterization of stutter products at the tetranucleotide repeat locus vWA. *Nucleic Acids Res* 24, 2807-2812.

Watson, J.D., und Crick, F.H. (1953). The structure of DNA. *Cold Spring Harb Symp Quant Biol* 18, 123-131.

Welch, L.A., Gill, P., Phillips, C., Ansell, R., Morling, N., Parson, W., Palo, J.U., und Bastisch, I. (2012). European Network of Forensic Science Institutes (ENFSI): Evaluation of new commercial STR multiplexes that include the European Standard Set (ESS) of markers. *Forensic Sci Int Genet* 6, 819-826.

Wenz, H., Robertson, J.M., Menchen, S., Oaks, F., Demorest, D.M., Scheibler, D., Rosenblum, B.B., Wike, C., Gilbert, D.A., und Efcavitch, J.W. (1998). High-precision genotyping by denaturing capillary electrophoresis. *Genome research* 8, 69-80.

Wirtschaftslexikon Gabler (2015). Stichwort: Medienbruch (Online, Springer Gabler Verlag, <http://wirtschaftslexikon.gabler.de/Archiv/77699/medienbruch-v9.html>, 20.03.2015).

Wirtschaftslexikon Gabler (2016). Stichwort: Benchmarking (Online, Springer Gabler Verlag, <http://wirtschaftslexikon.gabler.de/Archiv/2297/benchmarking-v7.html>, 08.02.2016).

9 Abbildungs- und Tabellenverzeichnis

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1: IST-Prozess der forensischen Gutachtenerstellung	8
Abb. 2: Darstellung des Laborprozesses	9
Abb. 3: Darstellung der Abläufe, die vom Erstgutachter durchgeführt werden - Teil 1	12
Abb. 4: Darstellung der Abläufe, die vom Erstgutachter durchgeführt werden - Teil 2	14
Abb. 5: Ausschnitt aus einer GutTab	15
Abb. 6: Ausschnitt Elektropherogramm - Spur mit männlichem Hauptspurenverursacher	16
Abb. 7: Ausschnitt Meldebogen mit einem vollständigen DNA-Identifizierungsmuster	17
Abb. 8: Darstellung der letzten Arbeitsschritte bis hin zum Versand	21
Abb. 9: SOLL-Prozess der forensischen Gutachtenerstellung	23
Abb. 10: Gegenüberstellung IST- vs. SOLL-Prozess: Kontaminationskontrolle	25
Abb. 11: Gegenüberstellung IST- vs. SOLL-Prozess: Konsensus- u. Composite-Ansatz	32
Abb. 12: Anforderungen an den Datenimport	33
Abb. 13: Gegenüberstellung IST- vs. SOLL-Prozess: Abgleich u. farbliche Markierung	39
Abb. 14: Darstellung des aktuellen Prozesses	43
Abb. 15: Ausschnitt Umsetzung SOLL-Prozess - „VDB“	44
Abb. 16: GutTab - Button „Prüfen“	46
Abb. 17: Drop Out-Tabelle der „VDB“	47
Abb. 18: „VDB“ - Reiter „Laufende Jobs“	48
Abb. 19: „VDB“ - Reiter „Ergebnisse“	49
Abb. 20: „VDB“ - Reiter „Ergebnisse“ nach dem Löschen	49
Abb. 21: „VDB“ - Reiter „Details DNA-Systeme“	49
Abb. 22: „VDB“ - Reiter „Details DNA-Systeme“ - Keine Kontamination	51
Abb. 23: „VDB“ - Reiter „Details DNA-Systeme“ - Kontamination	51
Abb. 24: GutTab - Kontamination eintragen	52
Abb. 25: GutTab - Speicherung von Vergleichsmustern und Mitarbeitern	52
Abb. 26: „VDB“ - Reiter „Treffer Suche“	53
Abb. 27: „VDB“ - Reiter „Datenbank Suche“ - Kategorie 'JOB'	53
Abb. 28: „VDB“ - Reiter „Datenbank Suche“ - Kategorie 'VM'	54

Abb. 29: „VDB“ - Button „Administration“	54
Abb. 30: „VDB“ - Administrationsbereich	54
Abb. 31: Ausschnitt Umsetzung SOLL-Prozess - „KonS“	57
Abb. 32: Neu angelegtes, fallspezifisches Projekt im GeneMapper®	58
Abb. 33: Benutzeroberfläche der Software „KonS“ mit allen untersuchten Spuren	59
Abb. 34: Darstellung des blauen Farbkanals der Spur 34.2	62
Abb. 35: Ausschnitt Umsetzung SOLL-Prozess - „TCol“	63
Abb. 36: Ausschnitt Benutzeroberfläche der Software „TCol“	64
Abb. 37: Drop Out-Tabelle der Software „TCol“	65
Abb. 38: Ergebnisse der Kontaminationskontrolle an einem Beispiel	73
Abb. 39: Mögliche Darstellung der Spurenbeurteilung	87

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Notationen und Konnektoren der EPK [Gadatsch, 2010]	6
Tabelle 2: Bewertung der Signalintensitäten	17
Tabelle 3: Beispiel für LQ-Berechnung bei Typ-A-Mischspuren	19
Tabelle 4: Allelfrequenzen für das DNA-System D8S1179 [Welch et al., 2012]	20
Tabelle 5: Darstellung aller geplanten Speichervorgänge	27
Tabelle 6: Darstellung aller geplanten Abgleichvorgänge	28
Tabelle 7: Berechnung des ABL nach Bekaert et al. [Bekaert et al., 2012].	34
Tabelle 8: Logik für die Konsensus- bzw. Composite-Software	37
Tabelle 9: Abgleichmöglichkeiten sowie Anzeige der Treffer	48
Tabelle 10: Validierung der „VDB“ mit Grenzwertbetrachtungen	55
Tabelle 11: Aufbau der Reportdatei im GeneMapper®	58
Tabelle 12: Vergleich beider möglichen Ansätze	61
Tabelle 13: Fertiggestellte Ergebnistabelle	65
Tabelle 14: DNA-Systeme PowerPlex® ESX 17 System	93
Tabelle 15: DNA-Systeme NGM SElect™	93
Tabelle 16: DNA-Systeme Yfiler®	94
Tabelle 17: DNA-Systeme PowerPlex® Y23 System	95

Danksagung

Mein ganz herzlicher Dank gilt Frau PD Dr. Katja Anslinger für die Betreuung im Rahmen dieser Arbeit aber auch darüber hinaus, für die vielen konstruktiven Gespräche und natürlich den großen persönlichen Einsatz.

Weiterhin bedanke ich mich bei Herrn Prof. Dr. Matthias Graw für die Möglichkeit diese Arbeit am Institut für Rechtsmedizin München durchführen zu können.

Teile dieser Arbeit wurden mit Mitteln der Friedrich-Baur-Stiftung (Reg.-Nr. 21/14) gefördert, wofür ich mich sehr bedanke.

Für ihre Unterstützung im Rahmen der Erstellung dieser Arbeit und dafür, dass sie mir den Rücken freigehalten haben, bedanke ich mich ganz herzlich bei Frau Dr. Dagmar von Máriássy sowie meinen Kolleginnen aus der DNA-Abteilung.

Des Weiteren bedanke ich mich bei Prof. Dr. Stefan Pickl von der Universität der Bundeswehr München für seine hilfreichen Vorschläge und die erfolgreiche Kooperation.

Darüber hinaus möchte ich mich bei Viktor Patrin für seine konstruktive Unterstützung im Bereich Prozessmanagement und -optimierung bedanken.

An die Programmierer Sebastian Aehle, Martin Tschoche, Matthias Heim und Mel-Norman Gerhardt geht ein besonders großes Dankeschön für die gelungene Umsetzung der entwickelten Konzepte und die vielen lehrreichen Gespräche.

Ein ganz besonderer Dank gilt meinem Mann, meiner Familie und meinen Freunden, ohne deren Unterstützung, Aufmunterung, Liebe und Zuversicht diese Arbeit nicht zustanden gekommen wäre.

Vielen herzlichen Dank!

Lebenslauf

Persönliche Daten

Jacqueline Tschoche, geb. Heyder
geb. 15.02.1984 in Blankenburg

Schulausbildung

1990 - 1994	Grundschule Benneckenstein
1994 - 1996	Sekundarschule Benneckenstein
1996 - 2003	Gymnasium Hochharz Elbingerode

Akademische Ausbildung

2003 - 2006	Fachhochschule Gelsenkirchen, Fachbereich Angewandte Naturwissenschaften, Studiengang Molekulare Biologie, Abschluss: Bachelor of Science
03.2006 - 07.2006	Landeskriminalamt Baden-Württemberg, Fachbereich Molekulargenetische Untersuchungen, Praxissemester
2006 - 2008	Fachhochschule Gelsenkirchen, Fachbereich Angewandte Naturwissenschaften, Studiengang Molekulare Biologie, Abschluss: Master of Science
09.2007 - 08.2008	Landeskriminalamt Baden-Württemberg, Fachbereich Molekulargenetische Untersuchungen, Praxisjahr
2008 - 2010	Universitätsklinikum Heidelberg, Institut für Immunologie, Abteilung Transplantationsimmunologie
Seit 12.2010	Institut für Rechtsmedizin der Ludwig-Maximilians-Universität München, Abteilung Forensische Molekularbiologie
12.2012	Beginn der Promotion am Institut für Rechtsmedizin der Ludwig-Maximilians-Universität München, Abteilung Forensische Molekularbiologie

Eidesstattliche Versicherung

Tschoche, Jacqueline

Ich erkläre hiermit an Eides statt, dass ich die vorliegende Dissertation mit dem Thema

Prozessoptimierung in der forensischen Gutachtenerstellung

Entwicklung und Integration von Softwarelösungen im Rahmen der Erstellung forensischer
Spurengutachten

selbständig verfasst, mich außer der angegebenen keiner weiteren Hilfsmittel bedient und alle Erkenntnisse, die aus dem Schrifttum ganz oder annähernd übernommen sind, als solche kenntlich gemacht und nach ihrer Herkunft unter Bezeichnung der Fundstelle einzeln nachgewiesen habe.

Ich erkläre des Weiteren, dass die hier vorgelegte Dissertation nicht in gleicher oder in ähnlicher Form bei einer anderen Stelle zur Erlangung eines akademischen Grades eingereicht wurde.

München, den 30.03.2016

Jacqueline Tschoche